

Una nueva herramienta para encontrar el VIH latente mejorará las estrategias actuales de tratamiento contra el VIH

- Un grupo de investigadores del Centro de Regulación Genómica (CRG) y de la Universidad Pompeu Fabra (UPF) en Barcelona ha desarrollado una nueva tecnología que arroja luz sobre la infección por el VIH e impulsará la investigación para el desarrollo de fármacos.
- La investigación, publicada hoy en la revista *Nature Structural and Molecular Biology*, muestra que la respuesta del VIH latente a las terapias de reactivación depende en parte del sitio del genoma humano en el que se integra el ADN vírico.

Barcelona, 21 de noviembre de 2016. Un grupo de investigadores del Centro de Regulación Genómica ([CRG](#)) y de la Universidad Pompeu Fabra ([UPF](#)) en Barcelona ha desarrollado una nueva tecnología que arroja luz sobre la infección por VIH y ofrece el primer mapa de expresión del VIH en el genoma humano.

Tras entrar en el genoma de la célula infectada, algunos de los virus del VIH se vuelven latentes y no son detectados por nuestro sistema inmune. Estos virus escapan a los tratamientos y suponen una amenaza para el paciente porque, posteriormente y manera espontánea, despertarán y reiniciarán el ciclo de infección. Muchas de las terapias y fármacos disponibles actualmente intentan reactivar el VIH latente con la esperanza de eliminar toda la población de virus latentes. Desafortunadamente, ninguna de las terapias propuestas ha resultado eficaz en la cura de pacientes infectados.

El ADN externo es silenciado en el genoma humano por la cromatina huésped, que es un compuesto de ADN y proteínas que empaquetan y condensan el ADN para formar los cromosomas. El silenciamiento de la cromatina está mediado por varios mecanismos y ahora un equipo de investigadores liderado por **Guillaume Filion**, jefe del grupo de Arquitectura Genómica del CRG, ha desarrollado una tecnología para descubrir el papel que juega el silenciamiento de la cromatina en la respuesta del VIH latente frente a los fármacos disponibles en la actualidad.

Tal y como aparece hoy en *Nature Structural and Molecular Biology*, el equipo científico ha desarrollado una tecnología llamada B-HIVE, que les ha permitido mapear los insertos de VIH a través del genoma humano, así como medir sus niveles de expresión. “Mediante un identificador genético, creamos un código de barras para una población de virus. Una vez tuvimos los códigos, pudimos vincular individualmente los virus con su localización cromosómica” explica Filion, autor principal del estudio. El código de barras genético funciona como los códigos de barras de los productos alimenticios en los supermercados: cuando todos los artículos están etiquetados, cada artículo individual puede ser identificado por su código específico. “Además, pudimos medir sus niveles de expresión y nos mostraron que la respuesta del VIH a las terapias de

reactivación depende en parte del sitio de integración en el genoma humano. Demostramos por primera vez la importancia real del contexto de la cromatina en la lucha contra el sida”, afirma el investigador.

Gracias a esta nueva tecnología, los investigadores han podido demostrar que los medicamentos que funcionan reactivando el VIH lo hacen desde diferentes sitios dentro del cromosoma. En otras palabras, estos fármacos son más selectivos de lo que se pensaba anteriormente. “Ahora que controlamos esta técnica, podemos buscar la mejor combinación de fármacos que puedan reactivar todos los virus latentes que hasta ahora escapaban a los medicamentos antirretrovirales en uso hoy en día y hacerlos susceptibles a la destrucción. Nuestro estudio sugiere orientar futuras investigaciones hacia el desarrollo de fármacos con dianas complementarias”, dice **Heng-Chang Chen**, investigador del CRG y primer autor del estudio. “Éste es un gran paso adelante y sin duda impulsará la investigación hacia la cura del VIH, así como nuestra comprensión del estado inactivo del VIH latente”, añade con entusiasmo **Andreas Meyerhans**, coautor del artículo e profesor de investigación ICREA en la UPF.

Los nuevos mapas genómicos de la expresión del VIH abordan una cuestión fundamental que hasta ahora no había sido resuelta y permiten visualizar un principio básico de la regulación génica. Será un recurso muy útil para los analistas de datos interesados en aplicaciones clínicas. Mientras que para los investigadores parecen aproximarse tiempos emocionantes, la sociedad debe esperar que esto se traduzca más tarde en un beneficio todas las personas afectadas por el VIH.

Trabajo de referencia: Chen HC et al. “Position effects influence HIV latency reversal”, *Nature Structural and Molecular Biology*, November 21 2016. DOI: 10.1038/nsmb.3328

Imágenes disponibles en:

<https://www.dropbox.com/sh/6rsnr8vn92ucy5k/AACnUfAyJRxSjIVGuoXEDGya?dl=0>

Pies de foto:

- GuillaumeFilion.jpg => Guillaume Filion, jefe del grupo de Arquitectura del Genoma en el Centro de Regulación Genómica y líder del estudio. Autor: CRG.
- B-HIVE Draw => Representación artística del proyecto B-HIVE de identificación de los virus VIH latentes en el genoma humano y caracterización de su expresión génica. Autor: Heng-Chang Chen (<http://www.dzdm.co.uk/>)

Para más información y entrevistas:

Laia Cendrós, Departamento de Comunicación, Centro de Regulación Genómica (CRG)
Tel.+34 93 316 02 37 – Móvil +34 607 611 798
E-mail: laia.cendros@crg.eu