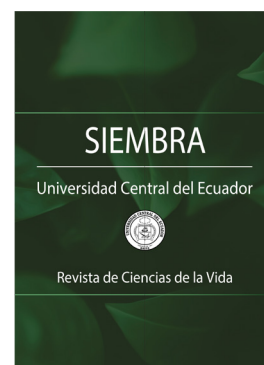


Mutaciones Críticas del VIH-1 en Quito, Ecuador y su Impacto en el Tratamiento Antirretroviral

Gabriela Sevillano¹, Camilo Zurita-Salinas², Jonathan Gómez³,
Jeannete Zurita⁴



Siembra 12 (3) (2025): Edición especial: Memorias del II Congreso Internacional: Resistencia a los Antimicrobianos con Enfoque One Health

¹ Zurita & Zurita Laboratorios. Unidad de Investigaciones en Biomedicina. Ecuador.

Universidad Internacional SEK. Ecuador
✉ gabrielasevillano@zuritalaboratorios.com
🌐 <https://orcid.org/0000-0003-3540-5609>

² Zurita & Zurita Laboratorios. Unidad de Investigaciones en Biomedicina. Ecuador.

✉ camilozuritas@zuritalaboratorios.com
🌐 <https://orcid.org/0000-0002-5553-4670>

³ Zurita & Zurita Laboratorios. Unidad de Investigaciones en Biomedicina. Ecuador.

✉ jonathangomez@zuritalaboratorios.com
🌐 <https://orcid.org/0009-0004-6380-3190>

⁴ Zurita & Zurita Laboratorios. Unidad de Investigaciones en Biomedicina. Ecuador.

✉ jzurita@zuritalaboratorios.com
🌐 <https://orcid.org/0000-0002-9935-2588>

Introducción

La resistencia a los antirretrovirales en el VIH-1 es un desafío crítico para el tratamiento y control de la infección en Ecuador, donde la falta de datos sobre la resistencia limita la capacidad de los médicos para optimizar las terapias. Este estudio se llevó a cabo con el objetivo de determinar los genotipos de VIH-1 y las mutaciones asociadas a la resistencia a antirretrovirales en pacientes de Quito, Ecuador.

Materiales y métodos

Se recolectaron muestras de sangre de 24 pacientes VIH-positivos en un laboratorio privado en Quito. Se realizó un análisis de carga viral y genotipificación del VIH-1 mediante secuenciación del genoma completo usando el equipo MiSeq (Illumina) y Ion GeneStudio S5 (Thermo Fisher Scientific). Las mutaciones se analizaron utilizando la base de datos de la Universidad de Stanford, enfocándose en las mutaciones de resistencia a inhibidores de la proteasa [PI], inhibidores de la transcriptasa inversa nucleosídicos [NRTI], inhibidores de la transcriptasa inversa no nucleosídicos [NNRTI], e inhibidores de la integrasa [IN].

Resultados

De los 24 pacientes analizados, el 83,3% presentó el genotipo B, el 8,3% B+F y el 8,3% CRF02_AG. Se observó que el 75% de los casos eran susceptibles a las tres clases principales de antirretrovirales, mientras que el 25% presentó mutaciones que conferían resistencia a al menos uno de los fármacos. Las mutaciones de resistencia más relevantes identificadas incluyeron M184V, K70E, K103N, V108I, E138K, G140S y Q148H (Figura 1). En particular, el 16,6% de los pacientes mostró mutaciones de resistencia a la transcriptasa inversa, con dos casos presentando resistencia tanto

SIEMBRA

<https://revistadigital.uce.edu.ec/index.php/SIEMBRA>

ISSN-e: 2477-8850

Periodicidad: semestral

vol. 12, núm 3, 2025

siembra.fag@uce.edu.ec

DOI: [https://doi.org/10.29166/siembra.v12i3\(Especial\)](https://doi.org/10.29166/siembra.v12i3(Especial))



Esta obra está bajo licencia internacional Creative Commons Atribución-No Comercial

a NRTI como a NNRTI. Además, el 16,6% mostró mutaciones que conferirían resistencia a los inhibidores de la integrasa, destacando la presencia de G140S y Q148H.

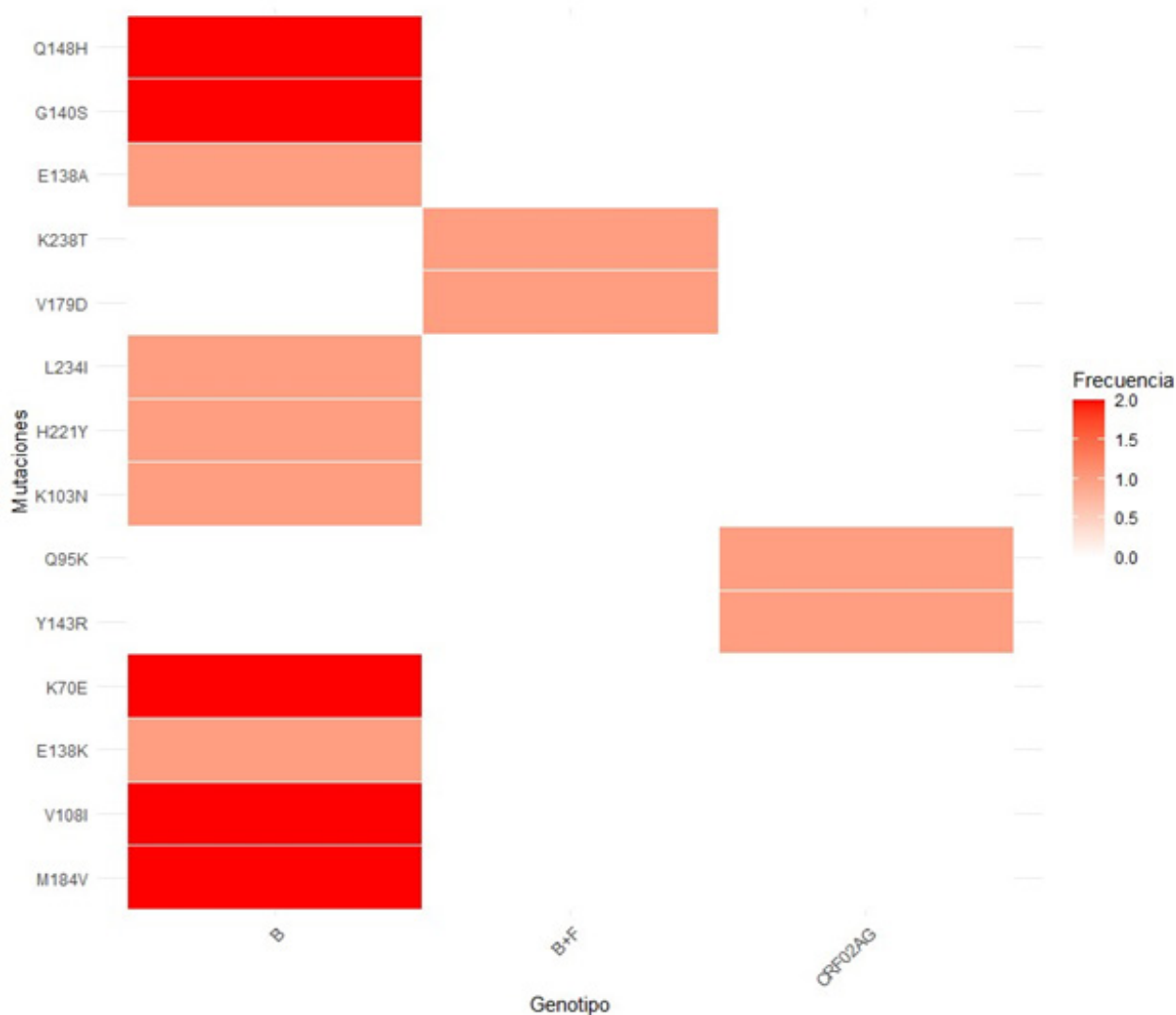


Figura 1. Relación entre los genotipos de VIH-1 y las mutaciones de resistencia a antirretrovirales.*

* Los cuadros rojos indican una mayor presencia de mutaciones (>2 mutaciones), los cuadros rosados 1 mutación, y los cuadros blancos ninguna presencia de mutaciones.

Conclusión

La alta prevalencia de mutaciones de resistencia en la población estudiada subraya la necesidad urgente de implementar pruebas de resistencia en pacientes VIH-positivos en Ecuador. La identificación de mutaciones como M184V y K103N es crucial, ya que están asociadas con la resistencia a fármacos de primera línea, lo que puede comprometer la eficacia del tratamiento.

Palabras clave: Virus VIH, resistencia, mutaciones críticas.