

Gabriela Sevillano^{1,2}, Camilo Zurita-Salinas¹, Jonathan Gómez¹, Jeannete Zurita¹

1. Unidad de Investigaciones en Biomedicina. Zurita & Zurita Laboratorios, Quito, Ecuador
2. Universidad Internacional SEK, Quito Ecuador

Introducción

- La resistencia a antirretrovirales en VIH-1 es un problema crítico en Ecuador.
- La falta de datos limita la optimización de tratamientos.

Objetivo: Determinar los genotipos de VIH-1 y las mutaciones asociadas a la resistencia a antirretrovirales en pacientes de Quito, Ecuador.

Materiales y Métodos

- **Población de estudio:** Se recolectaron muestras de sangre de 24 pacientes VIH-positivos en Quito.
- **Análisis genómico:** Se realizó análisis de carga viral y genotipificación del VIH-1 mediante secuenciación del genoma completo MiSeq (Illumina) y Ion GeneStudio S5 (Thermo Fisher Scientific).
- **Análisis de Mutaciones:** Se analizaron mutaciones de resistencia a antirretrovirales utilizando la base de datos de la Universidad de Stanford.

Resultados

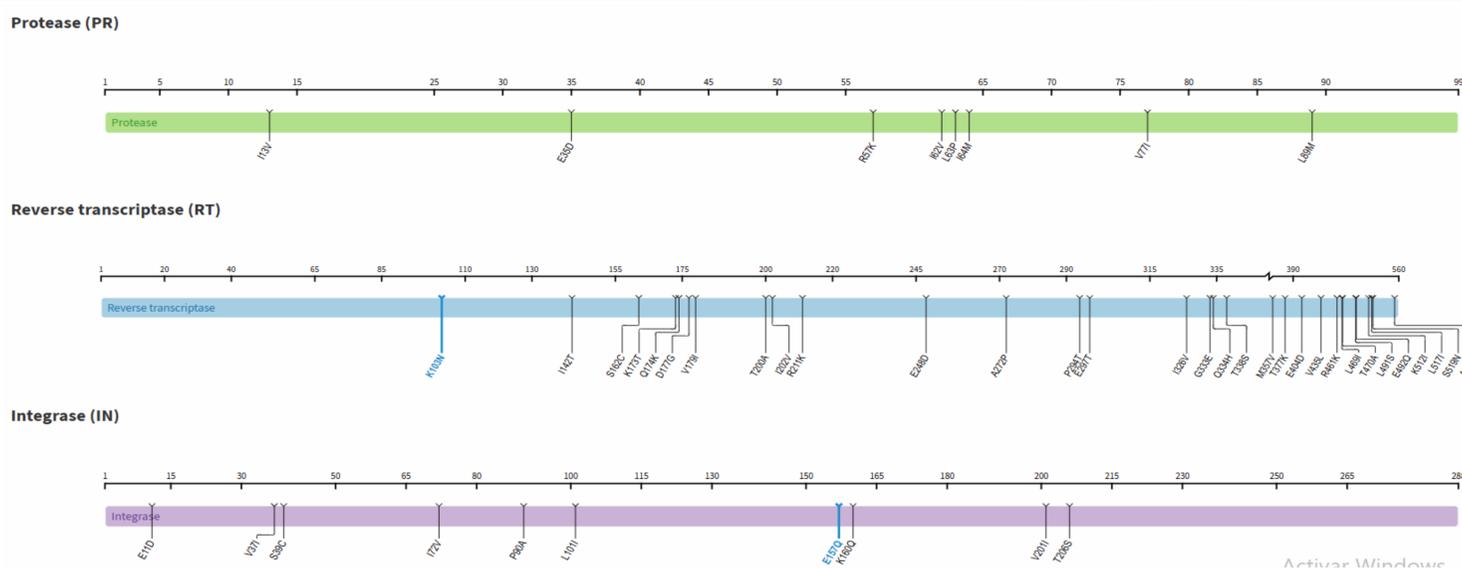


Figura 1. Ensamblaje del genoma e identificación de mutaciones en genoma de VIH-1.

- **Genotipos:** B: 83.3% (20/24), B+F: 8.3% (2/24), CRF02_AG: 8.3% (2/24).
- **Susceptibilidad:** 75% (18/24) susceptibles a todas las clases de antirretrovirales. 25% (6/24) con mutaciones de resistencia.
- **Mutaciones Clave:**
Transcripción Inversa (16.6%; 4/24): M184V, K103N, V108I, E138K (Dos casos con resistencia a NRTI y NNRTI)
Inhibidores de Integrasa (16.6%; 4/24): G140S, Q148H.

No se encontraron mutaciones en los inhibidores de la proteasa. 2 cepas mutaciones en IN como a ITR (8.33%; 2/24). Las mutaciones de resistencia más relevantes identificadas incluyeron M184V, K70E, K103N, V108I, E138K, G140S y Q148H. La figura 2 indica la relación entre los genotipos y las mutaciones encontradas.

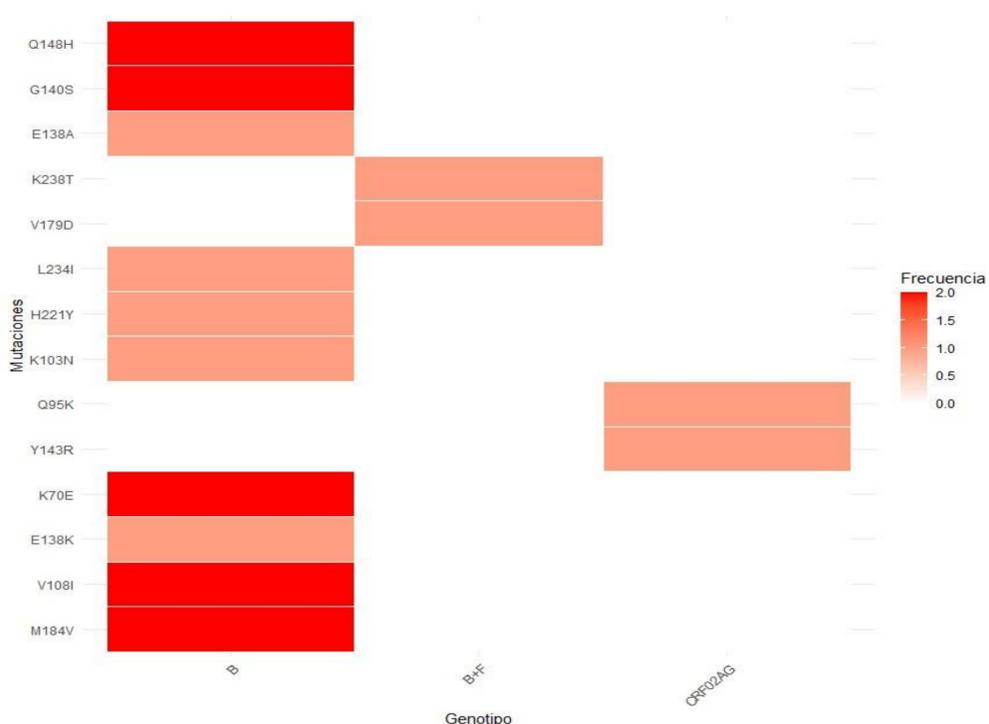


Figura 2. Relación entre los genotipos de VIH-1 y las mutaciones de resistencia a antirretrovirales. Los cuadrados rojos indicarán una mayor presencia de mutaciones (>2 mutaciones), los cuadros rosados 1 mutación, y los cuadros blancos indicarán ninguna presencia de mutaciones.

Conclusión

La alta prevalencia de mutaciones (>20%) 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.