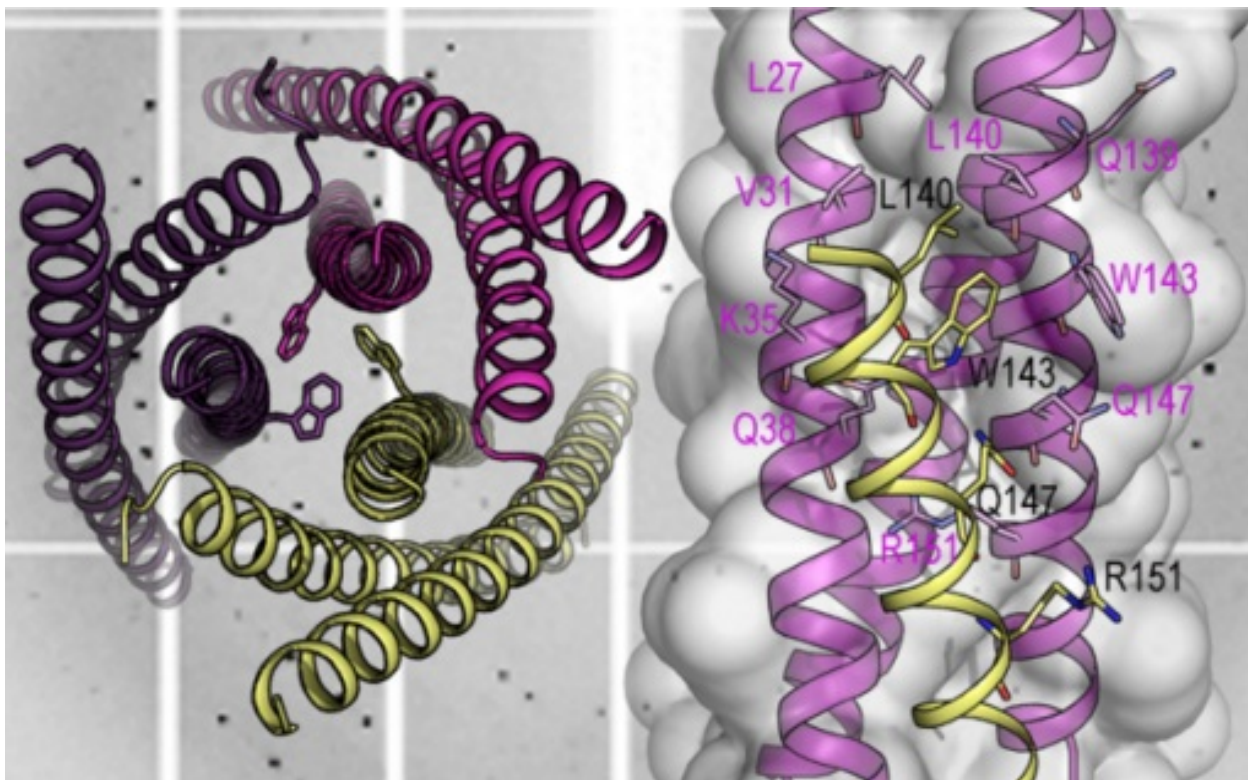


Demuestran la eficacia de una proteína que puede inhibir el virus del VIH-1

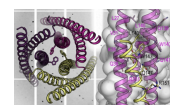
Utilizando los brillantes rayos X del sincrotrón ALBA, un grupo de investigadores ha detectado la estructura cristalina de una cadena proteica sintética que imita a la proteína gp41, parte de la envoltura del virus de la inmunodeficiencia humana. Este hallazgo, publicado en la revista *PNAS*, puede evitar la infección por VIH-1.

Sincrotrón ALBA | | 10 marzo 2015 10:00



1 / 1

Estructura cristalográfica de la cadena proteica. Representación de la superposición de la proteína dentro del modelo teórico del ectodominio gp41. / © Ana Cámara (Universidad de Almería)



La glicoproteína gp41 forma parte de la envoltura del virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) y es responsable de la entrada del virus en la célula huésped. Durante la infección por VIH-1, dos regiones de gp41 (la repetición helicoidal N-terminal y la repetición helicoidal C-terminal, NHR y CHR respectivamente) pueden ser accesibles a inhibidores de manera temporal.

Así, investigadores de la [Universidad de Granada](#), la [Universidad de Almería](#), [PX Therapeutics](#), [Sanofi Pasteur](#) e [INSERM](#) diseñaron una cadena proteica simple que imita la superficie de NHR y se une a los péptidos sintéticos de CHR. De esa manera, esta cadena evita que el virus se pliegue e infecte a la célula huésped, tal y como se ha demostrado previamente con otros pseudovirus y virus aislados.

El siguiente paso fue hacer crecer la proteína en cristales para exponerlos ante los rayos X de gran energía generados en el sincrotrón ALBA. Los experimentos de difracción de rayos X realizados en la línea de luz XALOC han permitido resolver la estructura cristalina de la proteína, confirmando su capacidad de imitar a la perfección la superficie de NHR en la región gp41.

Según datos de la OMS, el sida ha causado la muerte de más de 39 millones de personas. África subsahariana es la región más afectada

Esta proteína –que es muy estable y precisa –tiene un gran potencial para el desarrollo de fármacos, vacunas o microbicidas contra el VIH-1. Los resultados han sido publicados en la revista *PNAS*.

Un problema de salud pública

El VIH-1 es la cepa más común y patogénica del virus de la inmunodeficiencia humana. Según datos de la Organización Mundial de la Salud (OMS), el sida ha causado la muerte de más de 39 millones de personas. África subsahariana es la región más afectada, con 24,7 millones de personas viviendo con VIH en 2013 y acumulando el 70% del total de las nuevas infecciones por VIH.

A día de hoy, aún no se ha diseñado una vacuna efectiva contra el virus. En cambio, sí existen tratamientos efectivos con fármacos antirretrovirales que pueden controlar el virus. No obstante, estos tratamientos –como el fármaco T20– presentan algunos inconvenientes: las altas dosis que se necesitan, los efectos secundarios adversos y su elevado coste. Por lo tanto, son todavía necesarios nuevos compuestos mejorados para incrementar las posibilidades actuales de tratar y prevenir la infección por VIH-1.

Referencia bibliográfica:

Sara Crespillo, Ana Cámara-Artigas, Salvador Casares, Bertrand Morel, Eva S. Cobos, Pedro L. Mateo, Nicolas Mouz, Christophe E. Martin, Marie G. Roger, Raphaëlle El Habib, Bin Su, Christiane Moog, Francisco Conejero-Lara. “[Single-chain protein mimetics of the N-terminal heptad-repeat region of gp41 with potential as anti-HIV-1 drugs](#)”. *PNAS* 111 (51) 18207–18212, doi: 10.1073/pnas.1413592112

El estudio ha sido financiado por el proyecto Euroneut-41 del VII programa Marco de la Unión Europea y el Gobierno Regional de Andalucía.

Si eres periodista y quieres el contacto con los investigadores, [regístrate](#) en SINC como periodista.