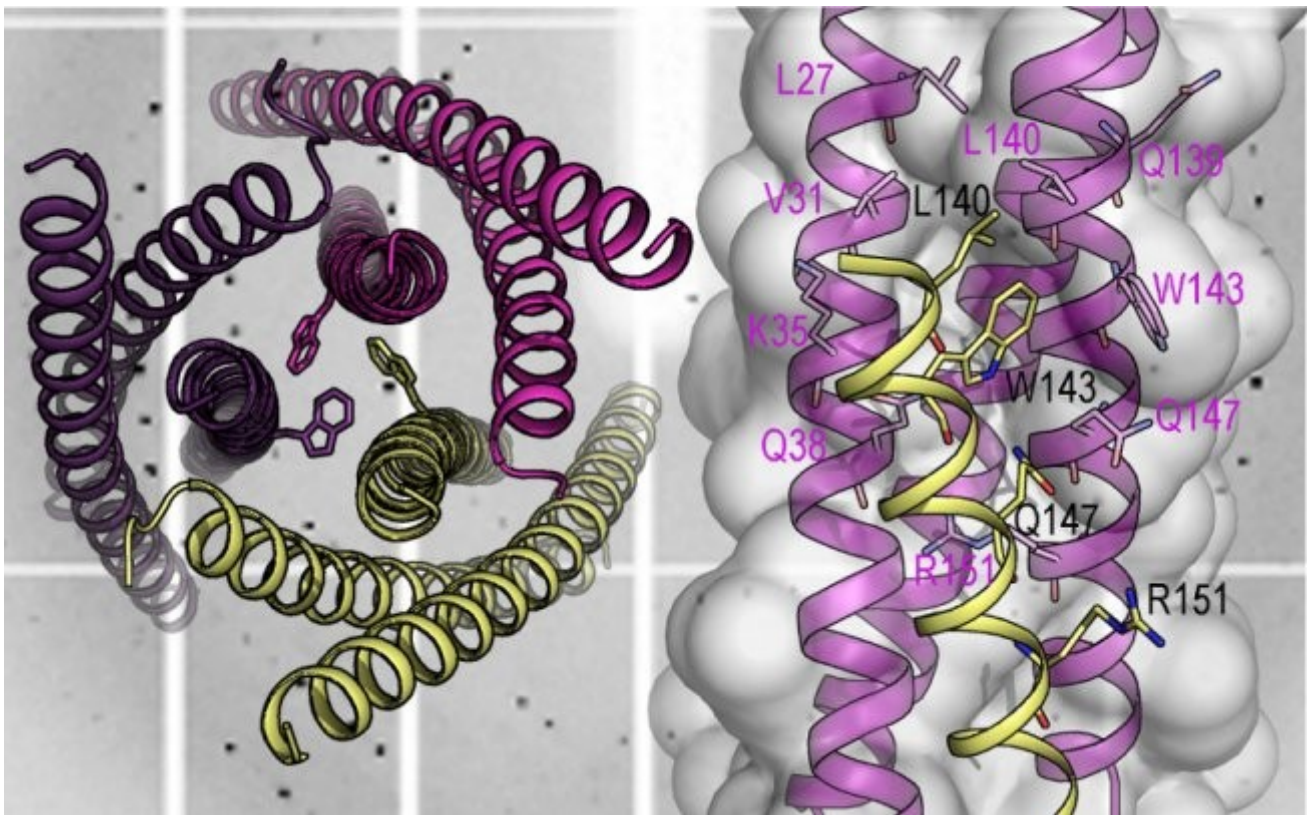


# Una proteína eficaz para inhibir el virus del sida

[libertaddigital.com/ciencia-tecnologia/ciencia/2015-03-10/una-proteina-eficaz-para-inhibir-el-virus-del-sida-1276542783/](http://libertaddigital.com/ciencia-tecnologia/ciencia/2015-03-10/una-proteina-eficaz-para-inhibir-el-virus-del-sida-1276542783/)



Cadena proteica | Representación de la superposición de la proteína dentro del modelo teórico del ectodominio gp41 (Ana Cámara, Universidad de Almería)

LD / Agencias 2015-03-10

Científicos andaluces han descubierto, usando los brillantes rayos X del Sincrotrón ALBA de Cerdanola del Vallés (Barcelona), la estructura cristalina de una cadena proteica sintética que es eficaz para evitar la infección del VIH-1, la **cepa más común y patogénica del virus de la inmunodeficiencia humana**. 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).

Según ha informado hoy el Sincrotrón ALBA en un comunicado, la investigación ha sido desarrollada por científicos de la Universidad de Granada, de la Universidad de Almería, de PX Therapeutics, de Sanofi Pasteur e INSERM, con la financiación del proyecto Euroneut-41 del VII programa Marco de la Unión Europea y el gobierno andaluz.

Los investigadores han estudiado la **glicoproteína 'gp41'**, que forma parte de la envoltura del virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) y es responsable de la entrada del virus en la célula huésped y vieron que durante la infección del VIH-1, dos regiones de gp41 (NHR y CHR) pueden ser accesibles a inhibidores de manera temporal.

Los investigadores 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 habían 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 permitieron a los investigadores resolver la estructura cristalina de la proteína y confirmaron su capacidad de imitar a la perfección la superficie de NHR en la región gp41. Según los científicos, esta proteína, que es muy estable y precisa, tiene un gran potencial para el desarrollo de fármacos, vacunas o microbicidas contra el VIH-1.