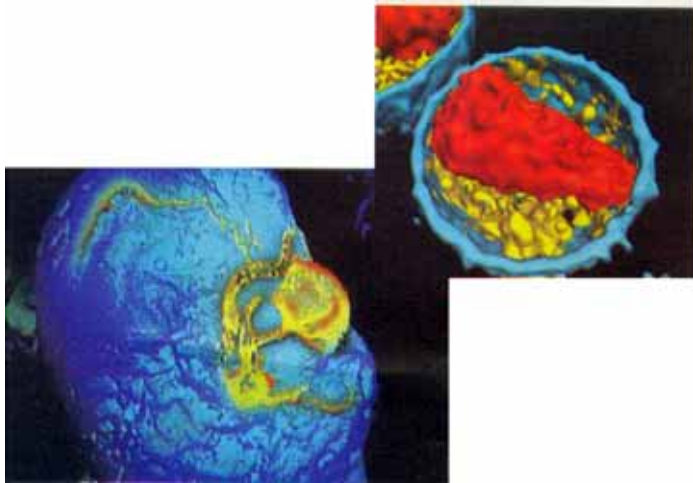


DESCIFRAN GENOMA DEL VIRUS DEL SIDA



Investigadores de la Universidad de Carolina del Norte en Chapel Hill (Estados Unidos) han secuenciado la estructura completa del genoma del VIH-1, la variante más extendida del virus del Sida. El trabajo, publicado en la revista "Nature", revela la relación entre la estructura y el funcionamiento del ARN y sobre el virus causante del Sida.

Según señalan los investigadores, el VIH-1, como muchos otros

virus, porta su información genética como ARN en vez de como ADN, plegado de estructuras "secundarias" diferenciadas.

Los científicos, dirigidos por Kevin Weeks, utilizaron una tecnología de análisis del ARN de alto rendimiento llamada SHAPE para decodificar la estructura del genoma del virus al nivel de un único nucleótido.

Como los investigadores esperaban, la composición de nucleótidos influye en la producción de proteínas pero también descubrieron que la traducción y plegado de proteínas están influidos por estos elementos estructurales dentro del ARN. Según apuntan científicos, esto sugiere que la estructura del ARN podría tener un papel no apreciado hasta el momento en la expresión del código genético.

El análisis también subraya muchos aspectos muy estructurados en el genoma del VIH-1, donde previamente sólo se habían descrito algunos en detalle. Se cree que estos patrones característicos de ARN probablemente tengan un papel regulador.

LA CLAVE HALLADA EN EL ARN

Como otros virus, en este caso el genoma no está formado por una doble cadena de ADN. Son dos cadenas sencillas de ARN (moléculas que en organismos más desarrollados no actúan como libro maestro de las instrucciones para la vida, sino como copias parciales de éstas).

La diferencia tiene importantes implicaciones. El ADN, conservado como una doble cadena dentro del núcleo celular, es mucho más estable. Lo que importa es su secuencia, y poco más. En el ARN, en cambio, al ser sólo una cadena sencilla, la manera en que se está plegado tiene un cometido fundamental. En sentido figurado, el ADN es como una cremallera cerrada, y el ARN como una de sus hileras de dientes, y tiene más tendencia a enrollarse y a engancharse. Y esta estructura tridimensional variable influye en el comportamiento del virus.

Con la secuenciación (en verdad, son dos cadenas de unos 10.000 nucleótidos cada una), los investigadores esperan dar claves para el desarrollo de nuevos fármacos que impidan que el virus infecte a las células del sistema inmunológico y, al reproducirse dentro de ellas, las destruya. Algo necesario para frenar una epidemia que afecta ya a 33 millones de personas en todo el mundo.

Fuente: Noticia extraída del Suplemento Semanal Ciencia & Tecnología para el Nuevo Milenio del Diario de "La Primera" del día 7 de agosto de 2009.