

Título: BÚSQUEDA Y RELACION FILOGENETICA DEL VIRUS DE LA LEUCOSIS BOVINA (BLV) EN TEJIDO MAMARIO HUMANO CON Y SIN NEOPLASIA, Y EN LINFOCITOS DE BOVINOS SEROPOSITIVOS

DESCRIPCIÓN

Convocatoria No. 657-2014

Entidad: PONTIFICIA UNIVERSIDAD JAVERIANA - PUJ - SEDE BOGOTÁ

Grupo de Investigación: COL0004317 - Enfermedades Infecciosas

Investigador Principal: María Fernanda Gutiérrez Fernández

Resumen Ejecutivo: La asociación de virus con cáncer es una situación reportada previamente que genera preocupación y la búsqueda de alternativas y prevención. Se cree que aproximadamente 15% de todos los cánceres pueden estar asociados con infecciones virales [3]

Recientemente el BLV se ha vinculado con el cáncer de seno luego de haber encontrado anticuerpos contra el VLB en el 74% de los sueros humanos estudiados y de tener evidencia sobre la presencia de la gp 51 del virus en cortes de tejidos mamarios de pacientes con cáncer canalicular de seno [4]A estos antecedentes se le puede agregar los últimos hallazgos de nuestro grupo donde se encontraron segmentos del gen gag en tejido neoplásico y no neoplásico obtenido de mujeres a quien se le sospechó cáncer de seno y se remitieron a biopsia para el diagnóstico definitivo. Estos tejidos fueron procesados y en ellos se hallaron segmentos génicos en los dos tipos de muestra, generando la necesidad de conseguir muestras de seno negativas para tumor, tejido que se está solicitando al Instituto de Medicina legal (IML). (Anexo carta del IML).

Los antecedentes anteriormente descritos generan la necesidad de determinar si existen segmentos virales en tejido sin ninguna patología de seno así como si existen más segmentos de este mismo virus en los cuatro tipos de tejidos a estudiar: tejido sin patología, tejido con patología benigna, tejido con cáncer de mama y linfocitos bovinos.

Las amplificaciones de los segmentos de los genes *gag*, *pol* y *tax* se realizarán por técnicas de RT-PCR y los segmentos amplificados se secuenciarán. Con las secuencias se realizarán análisis filogenéticos para determinar similitud entre ellos y las mutaciones prevalentes que podrían asociarse con la adaptación del virus a un tejido por el cual se suponía que no existía tropismo.

Resultados negativos de la presencia de segmentos virales en tejido sano contrarrestados con resultados positivos de estos segmentos en tejidos con patología pueden acercar el conocimiento para confirmar el problema de asociación de este virus con cáncer o de forma contraria, pueden proponer al virus como un factor protector de esta patología.

En caso de continuar encontrando segmentos génicos en tejidos sanos y en tejido con y sin neoplasia, llevaría a estudiar el mecanismo adaptativo que tiene el BLV para lograr insertarse en

un genoma por el cual aparentemente no tiene tropismo. Este resultado generaría además la duda de si el BLV estaría entregando segmentos retrovirales, que hayan quedado inmersos en el genoma celular desde generaciones anteriores, conocidos como "endógenos", comúnmente asociados a procesos del desarrollo evolutivo de nuestra especie. [5]