

Tabla 1: Epítopes silvestre y sus respectivas variantes mutadas

Posición genoma HXB2	Posición proteína	Secuencia epítope silvestre (abreviatura)	Secuencias variantes mutadas (abreviatura)	Afinidad de unión
1159-1185	p17	HSNQVSQNY (HY9)	<u>NNSQVSQNY</u> (H124N/S125N/N126S) <u>NNSKVSQNY</u> (H124N/S125N/N126S/Q127K)	Baja afinidad de unión a HLA-B*35
1435-1461	p24	HPVHAGPIA (HA9)	<u>HPVHAGPVA</u> (I223V) <u>HPVHAGPAA</u> (I223A) <u>HPAQAGPVA</u> (V218A/H219Q/I223V)	Alta afinidad de unión a HLA-B*35

Tabla 2: Características clínicas y demográficas de la población del estudio

Característica clínica	Valor
Edad en años, mediana (IQR)	33 años (25 - 53)
Género masculino (%) /femenino (%)	10 (83%) / 2 (17%)
Conteo de LT CD4+ en células/ $\mu$ l, mediana (IQR)	636.8 (382 – 1047)
Conteo de LT CD8+ en células/ $\mu$ l, mediana (IQR)	793.9 (420.6 - 1213).
Relación LT CD4+/CD8+, mediana (IQR)	0.9 (1.5 - 0.5)
Pacientes con terapia antirretroviral, n (%)	7 (58.3)
Tiempo entre el diagnóstico y el inicio de TAR en meses, mediana (IQR)	14 (0.26 – 26)
Tiempo de tratamiento en meses, mediana (IQR)	54 (48 – 55)

IQR: rango intercuartil 25%-75%; TAR: terapia antirretroviral