

Innovaciencia 2015; 3(1) sup 1: 4

# DESARROLLO DE UNA VACUNA CONTRA *Plasmodium vivax*

Manuel Alfonso Patarroyo.<sup>1</sup> M.D., Dr.Sc.

Cómo citar este resumen: Patarroyo MA. Desarrollo de una vacuna contra *Plasmodium vivax*. Innovaciencia facultad cienc. exactas fis. naturales. 2015; 3(1) sup 1: 4

Artículo recibido el 03 de mayo de 2015 y aceptado para publicación el junio 15 de 2015

## RESUMEN

De las cinco especies parasitarias causantes de malaria en el humano, *Plasmodium vivax* produce alrededor de 75 millones de casos anualmente, siendo la especie más prevalente en Asia y América.

Con el incremento de la resistencia a los fármacos antimaláricos por parte del parásito y a los insecticidas por parte del vector transmisor (mosquitos del género *Anopheles*), la búsqueda de una vacuna eficaz contra los parásitos del género *Plasmodium* es cada vez más prioritaria.

En los últimos años, enormes avances en la identificación de candidatos vacunales contra *P. falciparum* han sido alcanzados debido al rápido desarrollo tecnológico que ha permitido obtener la secuencia completa del genoma de este parásito, su perfil de transcripción génica (transcriptoma) y su proteoma.

El alcanzar un nivel de conocimiento similar con respecto a *P. vivax* ha sido muy difícil, principalmente por la dificultad de mantener esta especie parasitaria en cultivo continuo *in vitro*. Esta limitación técnica se refleja en la información disponible de este parásito, teniendo actualmente solo datos parciales del genoma, transcriptoma y proteoma.

Una de las principales diferencias de nuestro enfoque experimental, en lo que a desarrollo de vacunas se refiere, es que en vez de considerar buenos candidatos aquellos fragmentos proteicos fuertemente reconocidos por el sistema inmune, buscamos las porciones funcionalmente importantes,

principalmente en la unión a las células diana. Mediante la bioinformática, biología molecular e inmunológica, nuestro grupo ha identificado y caracterizado 16 nuevos candidatos a vacuna frente a *P. vivax*. Recientemente, se concluyó el proteoma del estadio sanguíneo de la cepa VCG-1 de *P. vivax*, donde identificamos 734 proteínas, 31 de las cuales muestran características propias de buenos candidatos a vacuna caracterizados previamente.

Desafortunadamente, uno de los mecanismos más eficientes utilizados por el parásito para evadir la respuesta inmune del hospedero es su alta variabilidad genética. Resultados de los estudios orientados a seleccionar las porciones conservadas de los candidatos a vacuna contra *P. vivax* realizados por nuestro grupo, serán presentados también.

Estudios de inmunogenicidad y protección en monos *Aotus* (modelo experimental ideal para estudiar vacunas antimaláricas), utilizando regiones de alta capacidad de unión a las células diana y, a la vez, con baja variabilidad genética, nos han permitido obtener candidatos a vacuna frente a *P. vivax* muy promisorios como aquellos derivados de la proteína PvMSP-1. Estos fragmentos, expresados como proteínas recombinantes, confieren protección parcial al 50% de los animales inmunizados con dos dosis de ellos y al 80% de los animales inmunizados con tres dosis.

Estos hallazgos, junto con las reglas obtenidas en los más de 30 años de investigación en el desarrollo de una vacuna eficaz contra *P. falciparum*, nos acercan cada vez más a la obtención de una vacuna multi-antígeno, multi-estadio contra *P. vivax*.

**Palabras clave:** *Plasmodium falciparum*, *Plasmodium vivax*, vacuna, transcriptoma, proteoma.