

25 Diversidad genética y dinámica de las poblaciones de *Plasmodium falciparum* en habitantes de una zona endémica de la costa pacífica colombiana

Natalia Jiménez¹, Iván Vélez², Gloria Sánchez²,
Carlos Muskus², Mónica Giraldo²

PALABRAS CLAVE

MALARIA
PLASMODIUM FALCIPARUM
DIVERSIDAD GENÉTICA
MULTIPLICIDAD DE INFECCIÓN
INMUNIDAD

INTRODUCCIÓN

De las cuatro especies de *Plasmodium* que afectan al hombre, *P. falciparum* se considera la más virulenta al ocasionar la muerte por complicaciones de malaria cerebral y falla renal. Actualmente está bien establecido que las cepas de *P. falciparum* encontradas en regiones de alta transmisión son genéticamente diversas y que el hombre y el insecto vector están frecuentemente infectados por múltiples clones del parásito (1). Debido a su diversidad genética, *P. falciparum* logra adaptarse a la respuesta inmune del hospedero, a resistir la acción de medicamentos antimaláricos y a cambios ambientales, consiguiendo así evadir las estrategias diseñadas en su contra en los programas de control de la enfermedad (2). Adicionalmente, en zonas de alta transmisión, la multiplicidad de infección por *P. falciparum* se relaciona con el grado de inmunidad y protección contra episodios clínicos de la enfermedad (3). Teniendo en cuenta que en Colombia se han realizado pocos estudios en este campo, nos proponemos caracterizar la epidemiología de la diversidad genética de las infecciones por *P. falciparum* y su dinámica en el tiempo, en relación a los parámetros clínicos, a la adquisición de inmunidad y a la transmisión de la malaria.

METODOLOGÍA

El estudio se llevará a cabo en 100 voluntarios residentes del municipio de Nuquí, Chocó, zona de alta transmisión para la malaria. A los participantes se les hará seguimiento cada tres meses durante un año. En cada evaluación se realizará una encuesta clínico-epidemiológica y se tomarán muestras de sangre para identificar la especie de *Plasmodium* por PCR y microscopía. En las personas infectadas con *P. falciparum*, la diversidad genética se estudiará utilizando un método de genotipificación por PCR, el cual amplifica tres genes altamente polimórficos que codifican para antígenos candidatos a vacunas: las dos proteínas de superficie del merozoito: MSP-1 bloque 2 y MSP-2 bloque 3 y la proteína rica en glutamato.

IMPLICACIONES

El desarrollo de este trabajo aportará a nuestra comprensión de la relación entre las poblaciones de *P. falciparum*, la patogénesis y la adquisición de inmunidad en malaria, e igualmente tendrá implicaciones para el desarrollo y evaluación de medidas de control tales como vacunas y drogas.

BIBLIOGRAFÍA

1. CONTAMIN H, FANDEUR T, ROGIER C, BONNEFOY S, KONATE L, TRAPE J, et al. Different genetic characteristics of *Plasmodium falciparum* isolates collected during successive clinical malaria episodes in Senegal children. *Am J Trop Med Hyg* 1996; 54: 632-643.
2. WALLIKER D, BABIKER H, RANFORD-CARTWRIGHT L. The genetic structure of malaria parasite populations. *Malaria: Parasite Biology, pathogenesis and protection*, edited by W. Sherman. 1998; Chapter 16.
3. SMITH T, BECK HP, KITUA A, MWANKUSYE S, FELGER I, FRASER-HURT N, et al. Age dependence of the multiplicity of *Plasmodium falciparum* infections and of other malariological indexes in areas of high endemicity. *Trans Roy Soc Trop Med Hyg* 1999; Supplement 1 (93): S1/15- S1/20.

Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales-PECET- U de A

¹ Estudiante de Maestría, Ciencias Básicas Biomédicas con énfasis en Medicina Tropical

² Profesor, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia
judynatalia@yahoo.com