

RESUMEN

El principal desafío para combatir la malaria ocasionada por *P.falciparum* está en comprender la complejidad del parásito y sus procesos de adaptación biológica. Se desconoce el comportamiento a nivel de expresión y adaptación de las principales proteínas implicadas en la virulencia de *P.falciparum* (tráfico de PfEMP1, interacción con proteínas del glóbulo rojo, formación de *knobs* (Protuberancias presentes en la membrana de los GRI) durante los procesos de cultivo de cepas nativas. En el presente estudio se evaluó el perfil de expresión en 11 genes implicados en la virulencia en cepas aisladas de 6 pacientes –con diferentes características clínicas y provenientes de la Amazonía peruana– cultivadas entre la segunda y vigésima generación de parásitos

Se identificaron dos grupos de genes: el primero formado por 5 genes que se mantenían estables a lo largo de las generaciones y el otro grupo formado por 6 genes los cuales presentaban variaciones entre cepas y generaciones. Los genes del primer grupo codificaban mensajeros para proteínas relacionadas con el tráfico y correcta ubicación de la proteína PfEMP1; los del segundo grupo codificaban proteínas que interactúan con el citoesqueleto del GR y que sirven como base para la formación de “*knobs*”. Se muestra que las cepas de la Amazonía presentaron diferentes niveles de mensajeros para la producción de proteínas que interactúan con el GR durante todas las generaciones. Este estudio identifica aquellos genes que mantienen o cambian su expresión durante el proceso de adaptación al cultivo *in vitro* en cepas nativas.

Palabras claves: *Plasmodium falciparum*, qPCR, PfEMP1, virulencia, 3D7, knobs