

Carrera contra el tiempo: creación de una vacuna contra la COVID-19

Race against time: creation of a vaccine for COVID-19

Johnny Leandro Saavedra-Camacho¹ , Sebastián Iglesias-Osores¹ 

¹Universidad Nacional "Pedro Ruiz Gallo". Facultad de Ciencias Biológicas. Lambayeque, Perú.

Recibido: 27 de abril de 2020 | **Aceptado:** 29 de abril de 2020 | **Publicado:** 01 de mayo de 2020

Citar como: Saavedra-Camacho JL, Iglesias-Osores S. Carrera contra el tiempo: creación de una vacuna contra la COVID-19. Univ Méd Pinareña [Internet]. 2020 [citado: Fecha de Acceso];16(3):e497. Disponible en: <http://www.revgaleno.sld.cu/index.php/ump/article/view/497>

Señor director:

Desde hace varios meses, la dinámica global ha sufrido un cambio debido a una nueva enfermedad, el coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo grave (SARS CoV-2). La pandemia por COVID-19 ha provocado conmoción a nivel global, induciendo cambios no solo en el ámbito de la salud, sino también social y político. Resulta crucial desarrollar vacunas seguras y efectivas para controlar esta enfermedad, eliminar su propagación y prevenir su futura recurrencia.

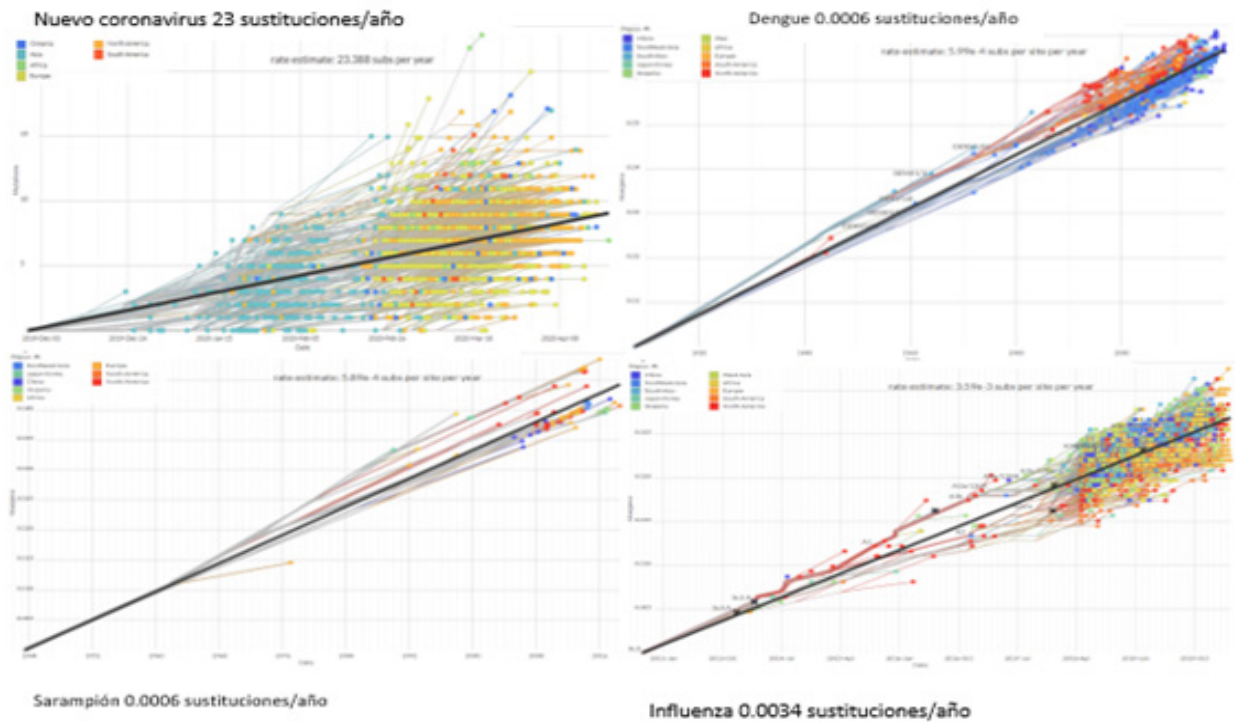
Dado que el SARS CoV-2 comparte una homología de secuencia significativa con otros dos coronavirus (SARS-CoV y MERS-CoV) las vacunas identificadas en estas patentes relacionadas con dichos virus podrían facilitar el diseño de vacunas contra el virus causante de COVID-19. Hay 363 patentes en la colección de contenido de la American Chemical Society (CAS) relacionadas con el desarrollo de vacunas para prevenir enfermedades virales, incluidos SARS y MERS. De ellas 188 patentes están directamente asociadas con las vacunas anti-SARS y anti-MERS con una respuesta inmune demostrada⁽¹⁾.

Se informó que las vacunas de la subunidad de la proteína S viral produjeron títulos de anticuerpos neutralizantes más altos y una protección más completa que las vacunas SARS-CoV atenuadas in vivo, la proteína S de longitud completa y la proteína S a base de ADN. Colectivamente, la proteína S es el sitio objetivo preferido en el desarrollo de la vacuna SARS / MERS, y la misma estrategia puede ser potencialmente útil en el desarrollo de vacunas SARS-CoV-2⁽¹⁾.

Una de las ventajas de las vacunas proteicas recombinantes es que no es necesario manejar virus infecciosos ya que se pueden usar adyuvantes para aumentar la inmunogenicidad. Sin embargo, las desventajas se encuentran en la capacidad de producción global, ya que puede ser limitada y la integridad del antígeno necesita ser confirmada; además de que los rendimientos deben ser lo suficientemente elevados⁽²⁾. Los modelos animales adecuados para evaluar las vacunas para el SARS y el MERS-CoV resultan escasos o muy limitados; lo que hace que el proceso de desarrollo de la vacuna sea un gran desafío⁽³⁾.

Con el surgimiento de SARS-CoV, hay alrededor de 15 posibles candidatos a vacunas a nivel mundial, en los que se aplicó una amplia gama de tecnología. Es probable que la mayoría de los candidatos tarde aproximadamente un año en comenzar los ensayos clínicos de fase 1. Sin embargo, el kit desarrollado por el Instituto de Genómica de Pekín (BGI) ha pasado el procedimiento de aprobación de emergencia de la Administración Nacional de Productos Médicos, y actualmente se usa en centros clínicos y de vigilancia de China⁽⁴⁾. Es por ello que el desarrollo de la vacuna contra SARS-CoV-2 sigue siendo un gran desafío para el personal médico; donde se necesita una solución rápida y válida.

La tasa de mutación del nuevo coronavirus es muy alta, por lo cual es complicado encontrar antígenos comunes que produzcan memoria. Las tasas de mutación han disminuido con el transcurrir del tiempo, a menudo que se secuencian el genoma del virus. De ahí que en sus inicios presentó 30 sustituciones por año alcanzando en la actualidad 23 sustituciones por año. Se espera que en los meses siguientes alcance su punto medio en cuanto a las mutaciones. En la [figura 1](#) observamos distintos árboles filogenéticos de material que ha sido secuenciado, en ella se muestran con un punto el genoma de cada microorganismo y en cada imagen completa el nivel de dispersión de estos mismos genomas, a mayor dispersión entre puntos mayor diferencias entre ellos (mutaciones).



Fuente: <http://nextstrain.com>

Figura 1. Árboles filogenéticos de patógenos en comparativa por sus tasas de sustitución por año, los árboles están coloreados por regiones

Es un gran desafío encontrar en tan poco tiempo una vacuna que cree inmunidad; sobre todo por lo anteriormente expuesto y por los tramites que tiene que seguir es sus fases de investigación e implantación. Por el momento, el empleo de plasma hiperinmune de pacientes que sobrepasaron la enfermedad resulta una alternativa viable. La comunidad científica continúa en su misión de encontrar respuestas eficientes y que logren detener esta carrera contra el tiempo: un tratamiento contra la COVID-19.

CONFLICTO DE INTERESES

Los autores declaran que no existe conflicto de intereses.

CONTRIBUCIÓN DEL AUTOR

Los autores redactaron, revisaron y aprobaron el manuscrito y su versión final.

FINANCIACIÓN

Los autores no recibieron financiación para el desarrollo del presente artículo.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Liu C, Zhou Q, Li Y, et al. Research and Development on Therapeutic Agents and Vaccines for COVID-19 and Related Human Coronavirus Diseases. *ACS Cent Sci* [Internet]. 2020 [citado 2020 Abr 27];6:315-331. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1021/acscentsci.0c00272>
2. Amanat F, Krammer F. SARS-CoV-2 Vaccines : Status Report. *Immunity* [Internet]. 2020 [citado 2020 Abr 27]; 14;52(4):583-9. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1016/j.immuni.2020.03.007>
3. Gretebeck LM, Subbarao K. Animal models for SARS and MERS coronaviruses. *Curr Opin Virol* [Internet]. 2015 [citado 2020 Abr 27]; 13:123-129. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1016/j.coviro.2015.06.009>
4. Pang J, Wang MX, Ang IYH, et al. Potential Rapid Diagnostics, Vaccine and Therapeutics for 2019 Novel Coronavirus (2019-nCoV): A Systematic Review. *J Clin Med* [Internet]. 2020 [citado 2020 Abr 27];9(623). Disponible en: <http://dx.doi.org/10.3390/jcm9030623>