

## Influenza A subclado K

### Influenza A subclade K

Francisco Javier Otero Mendoza\*

\* Departamento de Infectología del Instituto Nacional de Pediatría. México.

La influenza A es un virus respiratorio con gran capacidad para presentar variaciones antigénicas que se presentan por cambios estructurales en las principales proteínas de superficie, hemaglutinina (HA) y neuraminidasa (NA). Las sustituciones en estas proteínas pueden conferir ventaja selectiva al evadir anticuerpos preexistentes, un proceso denominado deriva antigénica.<sup>1</sup> Estos cambios en su estructura permiten su clasificación en clados, subclados y linajes, lo que ha contribuido a comprender mejor la epidemiología del virus y su impacto clínico en la población pediátrica.<sup>1,2</sup>

El virus de influenza no ocasiona una enfermedad trivial en pediatría. El número de pacientes que requieren hospitalización, además de las complicaciones respiratorias, neurológicas y cardiovasculares, así como las muertes asociadas, subrayan la necesidad de una vigilancia constante.<sup>2</sup> Los clados emergentes de influenza A(H1N1)pdm09 y A(H3N2) han demostrado una capacidad significativa de escape inmunológico, impactando de forma directa la efectividad de las vacunas estacionales y condicionando la posibilidad de que se presenten brotes que pudieran llevar a un incremento en la demanda de atención hospitalaria, particularmente en lactantes, niños con enfermedades crónicas y poblaciones con baja cobertura vacunal.<sup>2</sup>

La clasificación en clados permite identificar cambios genéticos que pueden modificar la antigenicidad del virus y su interacción con la inmunidad preexistente. En pediatría, donde la memoria

inmunológica se encuentra en desarrollo, estos cambios pueden traducirse en mayor susceptibilidad a infección, gravedad de la enfermedad y patrones epidemiológicos impredecibles. La evidencia sugiere que ciertos clados de A(H3N2) se asocian con casos más graves y mayor tasa de hospitalización en lactantes y preescolares, mientras que variaciones en A(H1N1)pdm09 han mostrado diferencias en transmisibilidad y respuesta a los inhibidores de neuraminidasas.<sup>3</sup>

El análisis de secuencias del gen HA de virus A(H3N2) recolectado en Estados Unidos desde febrero de 2025 muestra que la gran mayoría pertenece al clado 2a.3a.1 y subclados J.1 a J.4. Los virus J.2 han mostrado aumento rápido en proporción y diversificación adicional, con variantes antigénicas predichas en varios subclados (J.2.3, J.2.4 y J.2.5).<sup>1</sup>

El conocimiento del clado circulante debe considerarse para la interpretación de la temporada epidémica. La vigilancia genómica permite anticipar discrepancias entre la cepa vacunal y el virus circulante, lo cual tiene implicaciones directas en la efectividad de la vacuna. La vacunación se mantiene como la intervención preventiva más efectiva contra influenza. Sin embargo, la variabilidad clonal del virus impone desafíos continuos en la selección de cepas vacunales.<sup>1,3</sup> En este contexto, el médico desempeña un papel central en la promoción de la vacunación, la educación a padres y cuidadores, y la defensa de políticas de inmunización universal infantil. La evidencia acumulada demuestra que, incluso en



temporadas con eficacia moderada, la vacunación reduce hospitalizaciones, complicaciones graves y mortalidad en niños.<sup>3</sup>

En temporadas en donde no se encuentre una concordancia antigénica, el clínico debe reforzar estrategias complementarias, como la profilaxis antiviral en poblaciones de alto riesgo, el diagnóstico temprano mediante pruebas de biología molecular y la implementación estricta de medidas de control de infecciones en unidades hospitalarias, motivo por el cual la integración de redes de vigilancia regionales e internacionales, por la Organización Mundial de la Salud, es esencial para una respuesta coordinada.<sup>4,5</sup>

Adicionalmente, el estudio de los clados de influenza en la infancia abre nuevas perspectivas en inmunología pediátrica, incluyendo el fenómeno de impronta inmunológica, en el cual la primera exposición al virus influenza condiciona la respuesta a futuras infecciones y vacunas. Comprender este fenómeno podría redefinir estrategias de vacunación temprana y el diseño de vacunas universales.<sup>6</sup>

En conclusión, la vigilancia de clados de influenza A es una herramienta indispensable para el profesional de la salud. Su integración en la práctica clínica y en la planificación de salud pública es crucial para anticipar la gravedad de las temporadas epidémicas, optimizar estrategias de vacunación y proteger a la

población pediátrica, uno de los grupos más vulnerables frente a la influenza.

## REFERENCIAS

1. Zambon M, Hayden FG. Influenza A(H3N2) subclade K virus: threat and response. *JAMA*. 2026; 335 (4): 307-310. doi: 10.1001/jama.2025.25903.
2. Bhatt S, Holmes EC, Pybus OG. The genomic rate of molecular adaptation of the human influenza A virus. *Mol Biol Evol*. 2011; 28 (9): 2443-2451. doi: 10.1093/molbev/msr044.
3. Sabaiduc S, Kaweski SE, Separovic L, Gao R, Ranadheera C, Bastien N et al. Emergence of seasonal influenza A(H3N2) variants with immune escape potential warrants enhanced molecular and epidemiological surveillance for the 2025-2026 season. *J Assoc Med Microbiol Infect Dis Can [Internet]*. 2025; e20250025. Available in: <https://doi.org/10.3138/jammi-2025-0025>
4. Ziegler T, Moen A, Zhang W, Cox NJ. Global Influenza Surveillance and Response System: 70 years of responding to the expected and preparing for the unexpected. *Lancet*. 2022; 400 (10357): 981-982. doi: 10.1016/S0140-6736(22)01741-X.
5. Cowling BJ, Lin Y, Ikematsu H. Use of influenza antivirals to prevent transmission. *J Infect Dis*. 2025; 232 (suppl 3): S215-S226. doi: 10.1093/infdis/jiaf116.
6. Hayden FG, Whitley RJ. Introduction and update: advances in influenza therapeutics. *J Infect Dis*. 2025; 232 (suppl 3): S169-S176. doi: 10.1093/infdis/jiaf298.

*Correspondencia:*

**Dr. Francisco Javier Otero Mendoza**

E-mail: droterom@yahoo.com