



## Influenza A/H1N1. Cruzando la barrera de las especies

**L**a globalización permite el transporte rápido, prácticamente a cualquier parte del mundo; sin embargo, también abre la posibilidad que individuos con enfermedades infecto-contagiosas las trasladen a otra región del planeta.

De acuerdo con la Organización Mundial de la Salud para que pueda aparecer una pandemia de origen viral, se requieren las siguientes condiciones:

- La aparición de un virus nuevo, que no haya circulado previamente y por lo tanto, no exista población inmune a él.
- Que este virus sea capaz de producir casos graves de enfermedad.
- Que el virus tenga la capacidad de transmitirse de persona a persona de forma eficaz.

El virus de la influenza A/H1N1 cumple los requisitos para convertirse en otra pandemia que azote a la humanidad, ahora en este nuevo siglo.

Se ha documentado que este nuevo virus contiene material genético de virus gripe porcino, aviar y humano. A fin de ser más claro en mi explicación me permito hacer un análisis abreviado de cada infección.

La gripe porcina es una infección respiratoria aguda muy contagiosa en los cerdos. Es causada por el virus de la influenza tipo A, subtipos H1N1, H1N2, H3N1 y H3N2. Además, los puercos pueden verse afectados por virus de la gripe aviar y por virus estacionales que infectan al hombre. En todos los casos la transmisión es por aerosoles y contacto directo.

La influenza aviar es una enfermedad contagiosa causada por virus que normalmente sólo afectan a las aves (virus de la influenza H5N1). Existen dos formas de enfermedad, distinguidas como enfermedad de bajo o alto nivel de virulencia o patogenicidad. La primera causa síntomas leves e, incluso, indetectables, mientras la segunda tiene un desarrollo rápido, con mortalidad cercana al 100% en las primeras 48 horas de evolución.

El virus de la gripe aviar H5N1, afortunadamente, sólo en raras ocasiones infecta otras especies (por ejemplo humanos). Cuando esto ocurre resulta en una enfermedad potencialmente mortal.

Los virus de la influenza que afectan a los humanos se clasifican en tipo A, B y C de acuerdo con características antigenicas de la nucleoproteína así como de los antígenos proteicos de la matriz.

Los virus son partículas esféricas irregulares, que morfológicamente, del interior al exterior están constituidos por ribonucleoproteínas (8 segmentos en tipos A y B, 7 en C), ARN-Pol dependiente de ARN, proteína NS2, proteína de la matriz y una cubierta lipídica desde donde se proyectan las glucoproteínas antigenicas hemaglutinina (H) y neuroaminidasa (N). Este virus tiene 16 subtipos H (clasificados de H1-H16) y 9 subtipos N (clasificados de N1- a N9) con 144 combinaciones posibles.

El genoma viral está contenido en ocho cadenas simples que codifican once tipos de proteínas: HA, NA, NP, M1, M2, NS1, NEP, PA, PB1-F2, PB2.

Es importante señalar que la naturaleza segmentada del genoma permite el intercambio del repertorio genético entre las diferentes cepas virales durante una cohabitación celular.

¿Cómo se llega a una infección en humanos proveniente de animales?

Normalmente, los virus pueden cambiar genéticamente a causa de mutaciones o recombinaciones, esta última se refiere al intercambio de material genético entre dos genomas.

La versión completa de este artículo también está disponible en: [www.revistasmedicasmexicanas.com.mx](http://www.revistasmedicasmexicanas.com.mx)

Dado que existen importantes diferencias entre las estructuras primarias de la glucoproteína antigénica hemaglutinina (H1, H2, H3), se considera poco probable que los cambios antigenicos virales sean por recombinación espontánea. Recordemos, además, que el genoma del virus es segmentado y que esto puede originar un gran número de reordenamientos, es más, se sugiere que las cepas causantes de las pandemias pasadas emergieron de una recombinación de genes entre los virus de la gripe humana y de los animales.

Un evento clave parece ser una recombinación en el gen de la hemaglutinina, que resulta en un virus nuevo con virulencia incrementada y posibilidad real de producir una pandemia. Esto es, si el virus de la influenza tipo A tiene su genoma segmentado y si dos variantes de ese tipo (humano-porcino) infectan una misma célula, los viriones resultan con algunos segmentos de un progenitor y otros segmentos genéticos del otro.

A lo anterior debió agregarse la posible capacidad de infección a humanos desde un animal y, luego, la trasmisión efectiva de humano a humano para cumplir los requisitos que vemos en este nuevo virus.

Concluyo con las siguientes reflexiones:

- 1) Existen evidencias que las cepas pandémicas de virus de la influenza son capaces de infectar aves y mamíferos, incluyendo humanos y porcinos
- 2) El reordenamiento de genes entre las cepas aviar y humana fue responsable de las pandemias de 1957 y 1968.
- 3) Desde el 2005 la OMS espera una pandemia por influenza aviar y ha emitido recomendaciones a las naciones para tomar medidas preventivas.
- 4) La epidemia por virus de la influenza H1N1 que actualmente padecemos en México ¿Es la pandemia esperada?, ¿Estamos preparados para enfrentar una pandemia por H5N1? o ¿Es este un doloroso ensayo que nos permite reconocer nuestras deficiencias y trabajar en ellas?

**Alfredo Cabrera Rayo**

---

#### BIBLIOGRAFÍA

1. Klempner MS, Shapiro DS. Crossing the Species Barrier — One Small Step to Man, One Giant Leap to Mankind. *N Engl J Med* 2004;350:1171.
2. Respuesta a la amenaza de una pandemia de gripe aviar. WHO/CDS/CSR/GIP/2005.8.