

# Virus de influenza en Yucatán

Guadalupe Ayora Talavera

---



Microscopía electrónica de un virus de influenza H1N1 generado por genética reversa. (Foto: G. Ayora)

La influenza es una enfermedad característica de humanos y otros animales mamíferos y varias especies de aves, causada por un grupo de virus del mismo nombre: virus de influenza (VI). En los humanos estos virus se reportan anualmente en la mayoría de los países como infecciones esporádicas, brotes localizados o epidemias. Los VI son únicos por su rápida aparición, naturaleza altamente infecciosa y rápida desaparición, con un impacto que es impredecible tanto en tiempo como en severidad, no importando el hospedero. Se clasifican de acuerdo a los antígenos de superficie del virus, la hemaglutinina (HA) y la neuraminidasa (NA). Actualmente se han identificado 16 tipos diferentes de HA y 9 tipos diferentes de NA, todos en especies aviares. Los humanos son reservorios de dos subtipos: H1N1 y H3N2. Otras especies animales también son reservorios de VI como los caballos (subtipos H3N8 y H7N7) y los cerdos (subtipos H1N1 y H3N2). Su diversidad se debe principalmente a su naturaleza de RNA y las interacciones con tres hospederos que, según el rango de importancia de su contribución son: aves acuáticas migratorias, humanos y cerdos; pero también a que existe la transmisión del virus entre estas especies. La Península de Yucatán cuenta con estos tres componentes.

La península es un destino turístico importante, con visitantes de todo el mundo, por lo tanto, la posibilidad de transmisión de virus entre la gente local y los visitantes es muy probable. Yucatán también es considerado un punto de convergencia de aves silvestres y sitio vital de anidación de aves migratorias (Loroño-Pino y otros, 2003a). Más aún, es un estado donde la cría de cerdos es muy destacada. Actualmente la presencia a nivel mundial del VI aviar H5N1 altamente patogénico y el consecuente riesgo de que ocurra una pandemia, enfatizan la importancia del estudio de los virus de influenza. En Yucatán, el VI se ha estudiado principalmente en su componente humano. Resultados de investigación en los últimos 10 años demuestran la presencia del VI en 10% de las infecciones respiratorias agudas (Ayora-Talavera y otros, 2003; Ayora-Talavera y Dorantes-Mézquita, 2007). Se ha detectado principalmente el subtipo H3N2 durante la primavera y los meses de verano. De forma interesante, por estudios sexológicos, se ha reportado que el mismo subtipo que circula en los humanos (H3N2) se puede encontrar en 65% de los cerdos de granjas yucatecas (Ayora-Talavera y otros, 2005; Álvarez-Fleites y otros, 2004; Canto-Cab, 2000). Estos resultados sugieren la transmisión del VI entre la población de humanos-cerdos, y por supuesto ameritan futuras investigaciones, en particular relacionadas con la diversidad genética del VI subtipo H3N2.

En México la presencia del virus de influenza aviar H5N1 se detectó por última vez en 1994 y 1995, con devastadoras pérdidas económicas en el país, pero una fuerte campaña lanzada por la Secretaría de Agricultura, Ganadería y Desarrollo Rural (SAGAR) controló y erradicó el virus de influenza H5N1.

Para poder entender la interrelación que se da entre el virus de influenza y las diferentes especies que lo transmiten, es necesario entender la patogénesis de las infecciones por el VI en los humanos. Un aspecto importante en esta patogénesis es la habilidad que tiene el virus de infectar diferentes tejidos, la cual está asociada principalmente a su habilidad de adherirse a las células del huésped. Al respecto existe un gran interés en conocer de qué manera se da la unión entre la HA del virus y el receptor celular ácido siálico, y cuáles son las diferencias entre los dos principales reservorios, aves y humanos, que podrían dar lugar a la próxima pandemia de influenza (Barclay y otros, 2007).