

Editorial

Influenza a H1N1 y la resistencia a antivirales

Desde el punto de vista de salud pública, el virus de Influenza A ha sido de gran importancia por su capacidad de infectar a humanos y algunas especies de animales. Cuando los virus de Influenza de una especie infectan a otra, éstos pueden reagruparse surgiendo nuevos subtipos. Ante la emergencia que significó la pandemia provocada por el virus Influenza AH1N1, grupos de investigadores de diversas entidades académicas y gubernamentales han unido esfuerzos para tratar de responder algunas de las preguntas sobre el origen, las características y la transmisión del virus desde el punto de vista evolutivo (variabilidad del genoma: mutaciones y recombinación, variabilidad biológica de las poblaciones) y la región y fecha en que pudo haber surgido el virus.

En los últimos años, gracias al desarrollo de la biología molecular, la genómica, la bioinformática y otras disciplinas, se han generado instrumentos que permiten analizar bajo ópticas novedosas las características de agentes patógenos. Desde el comienzo de la epidemia, fue notable el observar que el grupo más afectado con neumonía severa fue el de los adultos, mientras que no se reportara lo mismo para los extremos de la edad (niños y ancianos), que tradicionalmente suelen ser los más afectados. Una primera reflexión sugirió que ello se debiera a que el grupo de adultos no recibe la vacuna estacional, la cual pudiera tener un efecto protector. No obstante, se debe subrayar que a la fecha no se ha podido demostrar la ausencia de esta inmunidad cruzada. Los resultados obtenidos muestran que proteínas de los virus vacunales son solamente 80% similares con las de las cepas identificadas en México. Estos cambios o mutaciones se acumulan en diferentes regiones de las proteínas incluyendo aquellas que están expuestas al reconocimiento por los anticuerpos específicos desarrollados por la vacuna y que brindan la protección. Esto implica que son suficientes dos aminoácidos diferentes por cada 10 para tener un elevado margen de certeza de que los anticuerpos inducidos por la vacunación no reconocerán, no se unirán y no inactivarán apropiadamente a las partículas virales. Dada la especificidad de la respuesta inmunitaria mediada por anticuerpos que se unen a las regiones expuestas de la cápside viral no parece haber posibilidades altas para una protección cruzada con los anticuerpos inducidos por la vacunación.

Al comparar las secuencias de las proteínas hemaglutinina (HA), y neuraminidasa (NA) de los virus de las vacunas para la influenza estacional, con las de las proteínas homólogas de las cepas del virus A H1N1 que circularon, se estableció que las secuencias de este conjunto son tan parecidas entre sí, que no es posible establecer en detalle sus relaciones evolutivas. En el caso de las secuencias de HA los parientes más cerca-

nos de este conjunto resultan ser las secuencias provenientes de virus porcinos de origen asiático. Sin embargo, el análisis de las secuencias de NA sugiere que los parientes más cercanos del conjunto que incluye a las cepas mexicanas son los grupos de virus de cerdos europeos. Estos resultados apoyan la hipótesis de que el virus A H1N1 es resultado de varios eventos de recombinación.

Es bien sabido que toda epidemia es un complejo fenómeno médico con profundas implicaciones sociales, económicas y biológicas. Ante la situación de pandemia, las empresas farmacéuticas por disposición de la Organización Mundial de la Salud (OMS), dirigieron esfuerzos para el desarrollo de vacunas para influenza A H1N1. Existe tratamiento antiviral: Zanamivir y Oseltamivir (Relenza® y Tamiflu®) cuyo potencial terapéutico ha sido efectivo contra este agente, sin embargo en 2010 se estuvo alerta ante la aparición de casos resistentes relacionados básicamente al mecanismo de acción del Oseltamivir, desconociéndose el algoritmo de aparición de nuevos casos. En la actualidad los investigadores aseguran que 30% de los virus de muestras de pacientes del norte de Australia y más del 10% de Singapur, tienen sensibilidad reducida a estas drogas. Ello muestra la necesidad de mantener una vigilancia para detectar la aparición de cepas resistentes. Tenemos ante nosotros la responsabilidad histórica de proponer y ejecutar acciones que permitan diseñar programas de recolección y almacenamiento de muestras para determinar variantes del virus, así como muestras sucesivas de pacientes infectados o enfermos; mejorar los sistemas de vigilancia de patógenos y enfermedades con énfasis en la producción agropecuaria y muy especialmente ante la posibilidad de aparición de cepas resistentes al tratamiento, la comunidad médica responsable de la atención de los casos clínicos deberá estar muy pendiente de los casos que pudieran parecer ser refractarios al tratamiento. Es imperativo debido a que el virus de influenza circula en todo el mundo y tiene una variación antigénica elevada, fijar pautas de uso adecuado de los antivirales, sobre todo por la escasez y/o disponibilidad de otros fármacos con eficacia comprobada.

Dra. Nereida Valero
Sección de Virología
Instituto de investigaciones Clínicas
“Dr. Américo Negrette”
Facultad de Medicina
Universidad del Zulia