

IDENTIFICACIÓN DE UN NUEVO SUBTIPO DE INFLUENZA PORCINA (H1N2) EN MÉXICO

Lara-Puente J*, Quezada-Monroy F, Echeveste-García de Alba R, Cortes-Fernández R, Castro-Peralta F, Sarfati-Mizrahi D, Soto-Priante E, Lozano-Dubernard B.

Laboratorio Avi-Mex, S. A. de C. V., Investigación y Desarrollo Línea Porcina, México, D. F. México. lara@avimex.com.mx

Introducción.

La Influenza Porcina (IP) en una enfermedad altamente contagiosa, es capaz de ocasionar una morbilidad del 100% y una mortalidad menor al 1%. El virus de IP (VIP) genéticamente inestable y sufre de variaciones antigénicas (*drift* y *shift*). El *drift* antigénico involucra el acumulo gradual de pequeñas mutaciones en el genoma viral, especialmente en los genes que codifican a la HA y/o NA, lo que genera sutiles cambios antigénicos y es el resultado de la selección de variantes en una población inmune. El *shift* antigénico es un cambio mayor que ocurre dentro de una célula infectada con 2 VIP, los cuales se recombinan y potencialmente pueden resultar hasta en 256 virus progenie genéticamente diferentes. El objetivo de este trabajo fue identificar un grupo de aislamientos de VIP sospechosos de ser un nuevo subtipo no reportado en México.

Materiales y Métodos.

Se seleccionaron y trabajaron un total de 8 aislamientos virales de VIP, procedentes de diferentes estados de la República Mexicana (Quezada y cols., 2012). Se realizó la prueba de RT-PCR Multiplex con iniciadores para identificar los subtipos H1N1 y H3N2. Adicionalmente (como doble verificación) se usaron iniciadores para la región M, la cual es altamente conservada entre todos sus subtipos de VIP y permite su identificación. Posteriormente, para el material genético correspondiente a 5 aislamientos nombrados como HxN2, aislamientos no identificados plenamente en un trabajo previo (Quezada y cols., 2012) y para tres aislamientos H1N1, se usaron iniciadores para las regiones NS, NA, NP y H en el RT-PCR. Los productos obtenidos se secuenciaron y se analizaron utilizando el software Vector NTI advance v11.5.1; geneious Basic v5.0, comparando las secuencias aminoacídicas y nucleotídicas entre ellas y contra algunos virus de referencia internacionales de humanos y/o porcinos, incluyendo a los A/H1N1 Pandémicos (pH1N1) 2009.

Resultados.

Los resultados de las 8 muestras positivas (RT-PCR multiplex) fueron de 3 aislamientos (37.5%) identificados como H1N1 y 5 aislamientos (62.5%) identificados como subtipo HxN2. Con la prueba de RT-PCR para la región que codifica M se corroboró la identidad como VIP de estos virus parcialmente identificados como HxN2.

Para encontrar la identidad del subtipo de HA de los aislamientos identificados como HxN2, se analizaron las secuencias de los productos obtenidos de RT-PCR para las regiones NS, M, NA (N1 y N2), NP y H (H3 y H1). Los resultados indican que estos 5 virus corresponden al subtipo H1N2.

Se encontró también que 4 de los VIP H1N2 tienen alta relación genética con cepas porcinas recientes de USA para los segmentos NS, NA (subtipos H1N2 y H3N2); con cepas humanas y porcinas para el segmento HA (subtipos H1N1 y

H1N2), y con virus humano para los segmentos M y NP (virus pH1N1-2009). Un VIP H1N2 se parece genéticamente a los otros H1N2 en los segmentos NS, NA y HA, pero tiene mayor homología con el virus H1N1 en los segmentos M y NP.

Uno de los VIP H1N1 es diferente de todos los demás, siendo más cercano al VIP H1N2 excepto en la HA (que se parece más a algunas cepas humanas y porcinas) y en la NA.

Discusión.

Los resultados obtenidos indican que es muy importante contar con un protocolo de diagnóstico lo suficientemente robusto para poder detectar diferentes subtipos de IP, esto debido a que los iniciadores de PCR tradicionalmente utilizados en nuestro laboratorio no detectaron eficientemente a todos los subtipos de IP aislados a partir de muestras de campo (como ha sido reportado en numerosas ocasiones por investigadores de la FAO y OIE para virus de influenza aviar y virus de influenza humano).

Este reporte es el primero en detectar el VIP subtipo H1N2 en México, lo cual se logró a partir de aislamientos virales e identificación por medio de pruebas de biología molecular avanzadas.

Los resultados de este trabajo junto con los encontrados por Quezada (2012), indican que al menos tres diferentes subtipos del VIP están co-circulando en el país. Por un lado el subtipo H3N2 y el H1N1 y por el otro, un virus de subtipo nuevo en México, el H1N2.

Conclusiones.

Los resultados indican que se identificó la presencia del VIP subtipo H1N2 en México, mismo que está circulando actualmente en la pira nacional. Es importante realizar trabajos en campo para determinar el impacto productivo de este nuevo subtipo de VIP, así como continuar con trabajos más profundos que nos indiquen claramente la relación genética de estos virus con otros existentes en México y en el mundo.

Nota del autor: Los aislamientos identificados como H1N2 en este trabajo se notificaron a la Dirección de Epidemiología y Análisis de Riesgo, y entregaron a la CPA de la SAGARPA el día 25 de abril de 2012, conforme las normatividades oficiales lo indican.

Bibliografía.

Diagnóstico de virus influenza en mamíferos y aves. PANAFTOSA-OPS/OMS. 2010
Emerging Infectious Diseases. Vol. 12, No. 5, May 2006
Quezada F y cols. Memorias del XLVII Congreso Nacional del AMVEC. Guadalajara, Jalisco; México. 2012
Brookes SM, *et al*, *et al*. Vet Record. 2009;164:760-1
Garten RJ, *et al*. Science. 2009;325:197-201
Olsen CW, *et al*. Diseases of Swine, 9th edition. Ames (IA): Iowa State University Press; 2006. p. 469-82.