

DETERMINACIÓN DE LA VARIACIÓN ANTIGENICA ENTRE LOS VIRUS DE INFLUENZA PORCINA H1N1 Y H1N2

Gaitán PC (*), Mercado GC, Sánchez BI

Departamento de Medicina y Zootecnia de Cerdo Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia UNAM

Palabras Clave: influenza porcina, subtipos, variación

carmengap38@hotmail.com

Introducción

La enfermedad de influenza porcina es una enfermedad de distribución mundial, teniendo baja mortalidad pero un alta morbilidad de hasta el 100%¹.

Los virus de influenza son antigénicamente muy variables, esto se debe en gran parte a la presencia de un genoma segmentado. Existen dos mecanismos principales que determinan esta variabilidad: el reordenamiento antigénico (SHIFT), cuando se presenta una doble infección a una sola célula huésped^{2,3}, y la deriva antigénica (DRIFT) que se da por mutaciones puntuales e individuales en la sustitución de aminoácidos de las proteínas de la envoltura viral Hemaglutinina (H) y Nueraminidasa (N)³. El objetivo de este trabajo fue identificar la variación antigénica entre el subtipo H1N2 (A/swine/MexMich/DMZC/2014) y el subtipo H1N1 (A/swine/Mexico/EdoMex/52/2010). Así como realizar un análisis de la Hemaglutinina (H) a nivel de aminoácidos para detectar diferencias entre ambos subtipos.

Material y Métodos

Se obtuvieron siete conejos de 3Kg cada uno, libres de anticuerpos contra influenza porcina. Se dividieron en tres grupos: el grupo 1 formado por tres conejos inoculados con el subtipo H1N1 (A/swine/Mexico/EdoMex/52/2010), el grupo 2 conformado por tres conejos inoculados con el subtipo H1N2 (A/swine/MexMich/DMZC/2014) y el grupo 3 de un conejo como testigo negativo. Para la inoculación se utilizó virus activo con un título de 256UHA; en total se realizaron cuatro inoculaciones con 2mL vía IM con hidróxido de aluminio como adyuvante. A los ocho días después de la última inoculación se tomaron muestras sanguíneas para obtención de suero. A las muestras obtenidas se les realizó la prueba de Inhibición de la Hemoaglutinación (IH)⁴ homóloga y heteróloga para poder calcular el Valor de Relación Antigénica (VRA). Para el análisis de las secuencias se utilizó el programa MEGA versión 5.2.

Resultados y Discusión

El VRA fue calculado a partir de la ecuación de Archetti y Hosfall.⁴ En las tablas uno y dos se muestran los resultados.

Cuando el VRA es menor a 1 los aislamientos virales no están relacionados antigénicamente mientras que si el valor es mayor a 1 los aislamientos están relacionados⁵, por lo que en este caso los dos subtipos virales analizados no están relacionados antigénicamente ya que se obtuvo un VRA promedio de 0.0833.

En el análisis de las secuencias se encontraron que existen diferencias entre los aminoácidos de ambos virus

en la H, en total se localizaron 120 diferencias; siendo de mayor interés las que ocurren en los epítomos las cuales se encuentran en las posiciones: para Sa, los cambios se encuentran en las posiciones 129,156,158,159,166, para Ca en posiciones 144,145,169,170,172,173,206,242,243. Para los epítomos Sb y Cb no existen diferencias entre los genes. Por lo cual a pesar de ser clasificadas dentro del mismo grupo presentan una variación en su estructura lo cual provoca la variación antigénica entre ambos virus. Un estudio realizado en el IPVS en el año 2006 demostró que la prueba de IH es lo suficientemente específica para diferenciar entre los subtipos H1N1, H3N2 y H1N2 sin que existiera una reacción cruzada, lo cual concuerda con los resultados presentados en este estudio.

Tabla 1. Resultados de la prueba de IH homóloga y heteróloga

	Suero 1 H1N1	Suero 2 H1N1	Suero 3 H1N1	Suero 1 H1N2	Suero 2 H1N2	Suero 3 H1N2
Virus H1N1	320	320	160	40	20	40
Virus H1N2	80	80	80	2560	1280	1280

Tabla 2. Resultados variación antigénica.

Resultados Variación Antigénica	
Número de Suero	Resultado VRA
1	0.0625
2	0.0625
3	0.125
Promedio	0.0833

Conclusiones

Se logró demostrar que los subtipos H1N1 (A/swine/Mexico/EdoMex/52/2010), y el subtipo H1N2 (A/swine/MexMich/DMZC/2014) no están relacionados antigénicamente y que a nivel estructural en el gen H son diferentes. Por lo que es de vital importancia hacer estudios epidemiológicos y filogenéticos para conocer y predecir el comportamiento de este subtipo viral (H1N2) ya que es un subtipo que está circulando de forma activa en la población porcina de la República Mexicana.

Referencias

1. Plonait H, et al., Manual de las Enfermedades de los cerdos 2001.
2. Brown IH., et al., Vet Microbiol, 742:29-46
3. Stine D, et al., Memorias AMVEC .2010, 12(7):873-880.
4. Castillo E, et al., Texto y cuaderno de trabajo laboratorio de virología, FMVZ-UNAM.2006.
5. Archetti I, et al., J.Exp Med, 92(5):441-462.