

Redalyc

Sistema de Información Científica

Red de Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal



Alba Lois, Luisa;Rodarte, Beatriz;Segal, Claudia;Valdés, Víctor;Vilchis, Alfonso
Algo que debemos saber acerca de los virus... o la gripe que viene
Ciencias, Núm. 95, julio-septiembre, 2009, pp. 62-65
Universidad Nacional Autónoma de México
México

Disponible en: <http://redalyc.uaemex.mx/src/inicio/ArtPdfRed.jsp?iCve=64412117011>

ciencias

Ciencias

ISSN (Versión impresa): 0187-6376

revci@hp.fcencias.unam.mx

Universidad Nacional Autónoma de México

México

¿Cómo citar?

Número completo

Más información del artículo

Página de la revista

www.redalyc.org

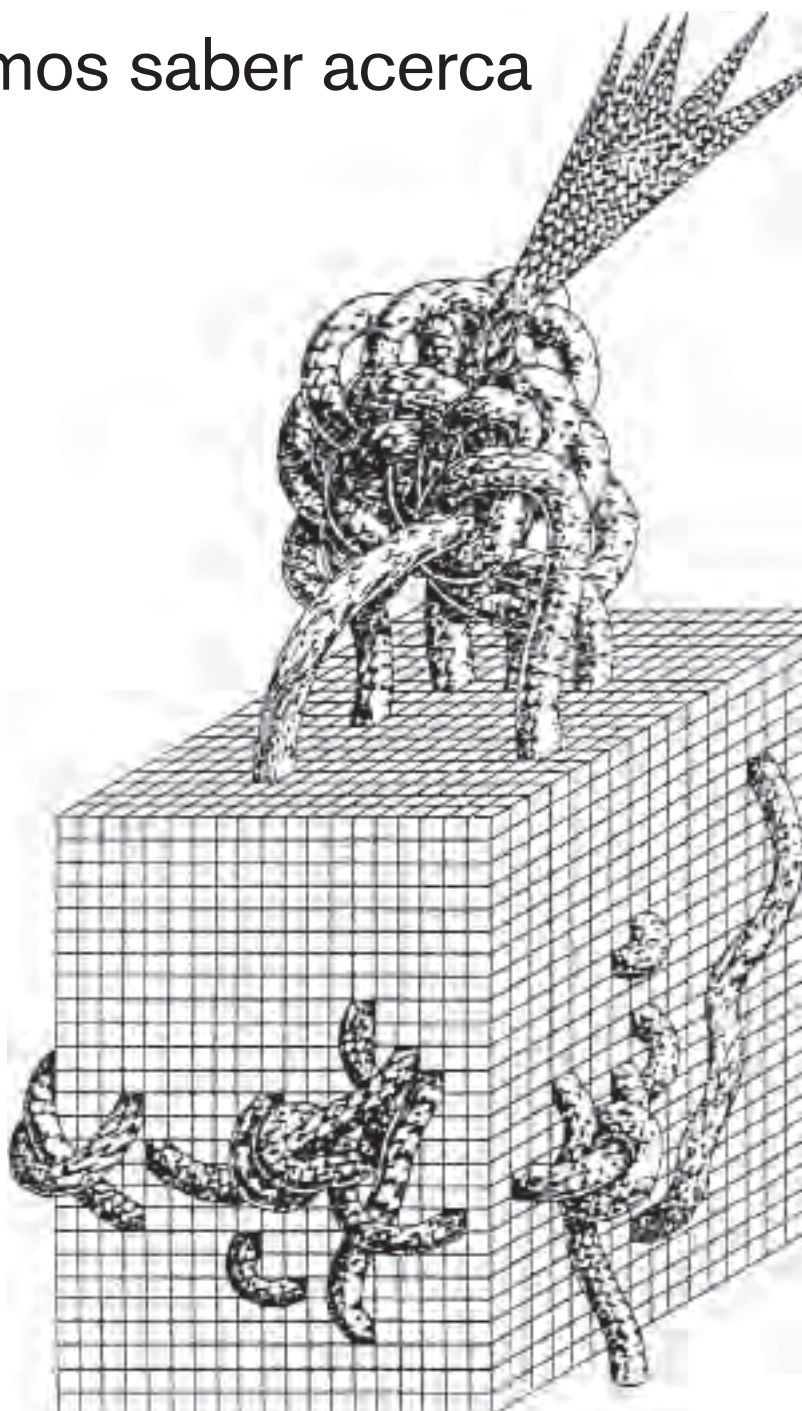
Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto

Algo que debemos saber acerca

Los virus no están incluidos dentro de los cinco reinos de la vida, ¿por qué?, porque son entidades biológicas constituidas sólo por ácidos nucleicos y proteínas y ocasionalmente algunos lípidos de la membrana que se llevan de las células que infectan, es decir, están formados únicamente por una o algunas proteínas (la cápside o cubierta) y material genético (ADN o ARN), que constituye sus genes. Los virus no tienen estructura celular, no pueden moverse, no pueden llevar a cabo —en forma independiente— su metabolismo, por tanto pueden ser denominados “parásitos genéticos”, lo cual significa que utilizan la maquinaria genética de su hospedero (célula que infectan) para su propia supervivencia.

Durante el proceso infeccioso, los virus pueden seguir dos estrategias principales de reproducción: virulenta y latente. La modalidad virulenta in-

volucra, después de la liberación del material genético del virus en el interior de la célula, la síntesis de proteínas víricas necesarias para la replicación de su genoma y la conformación de sus estructuras proteicas de recubrimiento, utilizando la maquinaria celular. Esto da lugar a la formación de múltiples partículas virales que serán liberadas a partir de la célula hospedera, prosiguiendo el proceso infeccioso (por ejemplo, el virus de la influenza). Por otra parte, la modalidad de latencia radica en el hecho de que el material genético del virus no se replica de manera inmediata, sino que puede permanecer en el citoplasma como episoma (por ejemplo, virus del herpes) o integrarse en el genoma de la célula hospedera (por ejemplo, retrovirus). Bajo ciertas condiciones, el genoma del virus comienza a replicarse y a dirigir la síntesis de proteínas virales, generando nue-



Luisa Alba Lois, Beatriz Rodarte, Claudia Segal, Víctor Valdés y Alfonso Vilchis

de los virus... o la gripe que viene

vas partículas y continuando el desarrollo infeccioso.

Como consecuencia de su mecanismo de multiplicación, algunos virus muestran una alta variabilidad que les permite generar múltiples variantes que eventualmente le llevarán a evadir tanto los sistemas de defensa del hospedero como los mecanismos farmacológicos de contención terapéutica.

A lo largo de la evolución, la naturaleza ha creado y preservado distintos tipos de virus: con respecto de los ácidos nucleicos los hay cuyo material genético es ADN o bien ARN, y pueden ser de cadena sencilla o doble. Los ácidos nucleicos pueden estar protegidos por varios monómeros de una misma proteína, como ocurre en los virus filamentosos (por ejemplo, el virus del mosaico del tabaco); pueden estar envueltos dentro de una figura icosaédrica compuesta por distintas subunidades proteicas, como los virus esféricos (por ejemplo, el adenovirus)

o pueden estar formados por estructuras proteicas mucho más complejas para proteger los ácidos nucleicos de organismos como los bacteriófagos, cuya estructura se conoce como esférica con cola, o virus "envueltos", en los que la cápside está rodeada por una cubierta de doble capa lipídica con proteínas embebidas. Las proteínas están codificadas por el genoma viral, sin embargo los lípidos de la membrana se derivan de las membranas de las células anfitrionas. Los virus envueltos son comunes en el mundo animal, ejemplos son los coronavirus y los virus de la influenza.

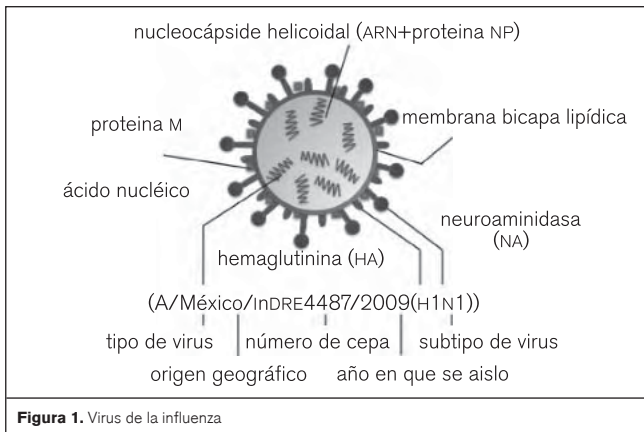
Virus de la influenza

Los virus de influenza pertenecen a la familia Orthomyxoviridae; tienen un genoma de ARN de una sola cadena fragmentado en 7 u 8 segmentos, con capacidad para codificar unas 10 proteínas, y la cápside es helicoidal y posee una envol-

tura lipídica en una estructura de aproximadamente 100 nanómetros de diámetro. En su envoltura se encuentran varias copias de tres proteínas: la proteína de membrana (M) y las glucoproteínas hemaglutinina (H) y neuroaminidasa (N). La proteína m, junto con el ácido nucleico, permiten clasificar estos virus como A, B o C; sólo los dos primeros tipos pueden producir epidemias. De las proteínas H y N se conocen distintos subtipos para la influenza A, 15 para H (de H1 a H15) y 9 para N (de N1 a N9), y es su combinación la que da lugar a las diferentes cepas virales; en cambio, para la influenza B sólo hay un subtipo de H y uno de N (figura 1).

En 1918 y 1919, una pandemia de influenza AH1N1 cobró la vida de 20 millones de personas en todo el orbe; a mediados de los cincuenta y a mediados de los setenta volvieron a ocurrir epidemias limitadas de otros subtipos de virus de la influenza.





Durante el año 2003 se describieron varios casos de muerte en humanos por una enfermedad respiratoria no identificada en China. Más tarde fue aislado en los pacientes una forma de virus aviar presente hasta entonces únicamente en aves, el H5N1. En ese momento se describió ante el mundo la nueva capacidad adquirida por este virus aviar de transmitir la infección viral de ave a hombre y de hombre a hombre. Esta infección viral se denomina Síndrome agudo respiratorio severo (SARS).

Desde entonces ha habido brotes de influenza aviar alrededor del mundo: en Europa central se presentó como influenza aviar altamente patógena, el H7N7; más tarde se reportó en Asia en pollos y humanos, el H5N1, diseminándose hasta llegar a reconocerse casos del mismo virus que infectó también cerdos en Estados Unidos; de esta manera las agencias de salud mundial pusieron en alerta a los países prediciendo una probable pandemia de influenza, para lo cual

se hizo una llamada al planeta a estar preparados para una contingencia mayor; los laboratorios farmacéuticos se dieron a la tarea de investigar la producción de una vacuna que pudiera contrarrestar la posible infección viral de influenza.

Muchas vacunas se desarrollaron sobre virus aislados y reconocidos como patógenos, pero la capacidad de mutación, cambio o adaptación de los virus para mantener su viabilidad, ha hecho de estas vacunas únicamente drogas capaces de disminuir los síntomas pero que no contrarrestan en un 100% la infección viral.

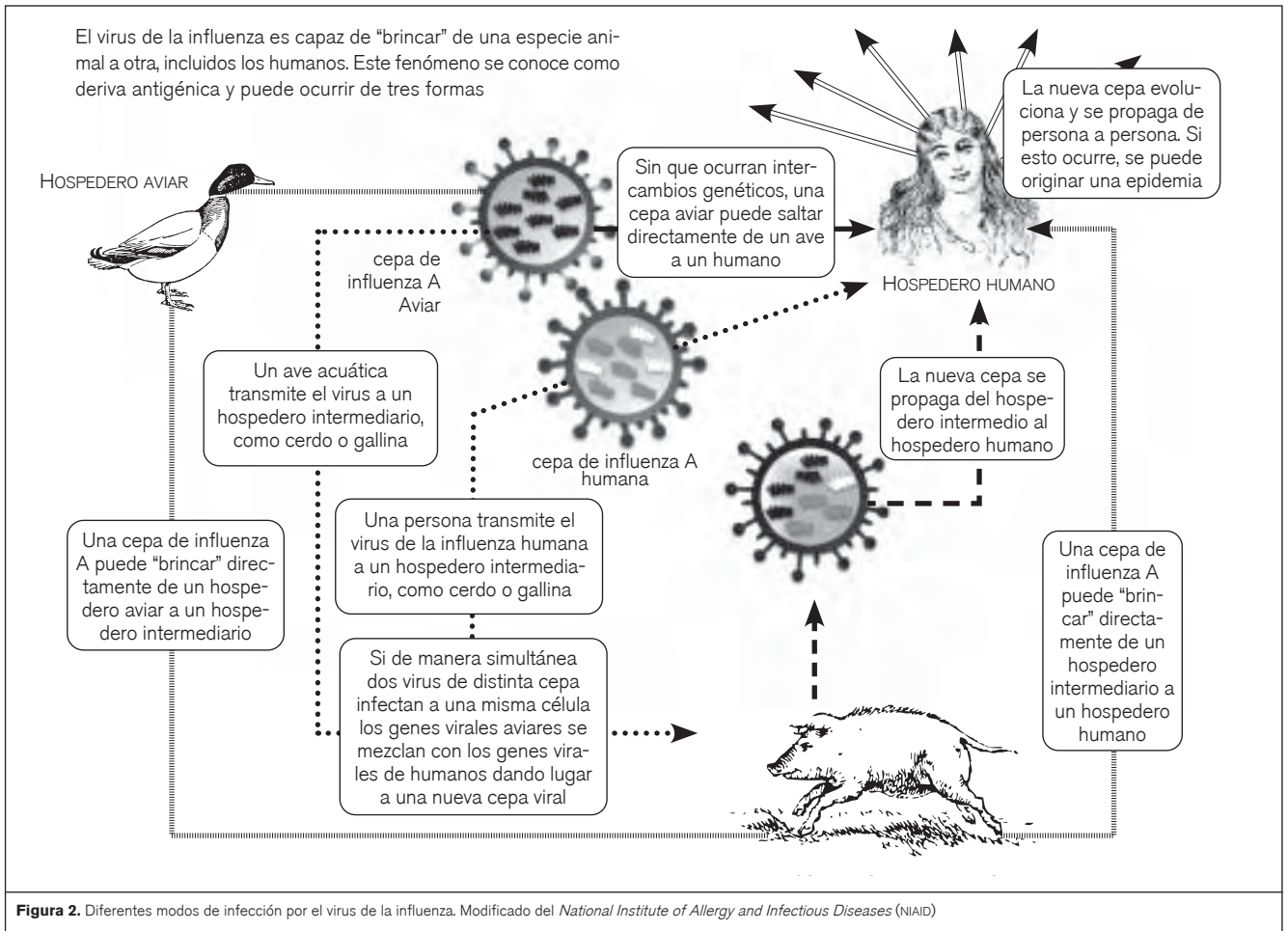
Hay tres modos posibles de que virus aviares infecten a los humanos: directamente, el virus de ave acuática puede infectar a seres humanos; una cepa de influenza aviar entra al hospedero intermediario y de ahí a un humano sin sufrir mayores cambios; y un virus aviar puede ser transmitido desde un ave acuática (reservorio de estos virus) a un cerdo, hospedero intermediario, que simultáneamente es infectado

por un virus de influenza humana. Al ocurrir la liberación de los virus, estos pueden llevar genes de las distintas cepas que infectaron, permitiendo la infección de un humano a otro (figura 2).

Vacunas

La Organización Mundial de la Salud ha establecido que "la vacunación es la principal medida para prevenir la influenza y reducir el impacto de la epidemia". Las vacunas contra la influenza son de dos clases: inactivadas y vivas-atenuadas. Las vacunas inactivadas pueden, a su vez, consistir en tres clases: a) el virus inactivado por formaldehído; b) el virus parcialmente fragmentado por un detergente, o c) una preparación que contiene únicamente las dos proteínas de la superficie del virus, la hemaglutinina y la neuroaminidasa; esta vacuna también se conoce como vacuna de subunidades. Por su parte, las vacunas vivas-atenuadas consisten en preparaciones del virus atenuado o debilita-





do en su virulencia por cultivos seriados en medios específicos.

Las proteínas de la superficie del virus —hemaglutinina y neuroaminidasa—, que pueden ser reconocidas por el sistema inmune de los seres humanos, se denominan antígenos.

La eficacia de una vacuna reside en la capacidad de los antígenos de inducir una respuesta inmunitaria mediante la formación de anticuerpos y células de defensa en el ser humano.

Debido a la alta variabilidad genética que presenta el virus

de la influenza tipo A, sus proteínas de superficie también presentan variaciones antigénicas, por lo que la aplicación de una vacuna o, en su caso, la inmunidad que una persona adquiere después de contraer la infección, frente a un tipo específico del virus de la in-

fluenza A no protege totalmente contra variantes antigénicas o genéticas del mismo virus. Esto explica el surgimiento de brotes epidémicos y, por otra parte, la necesidad de la revacunación cada determinado tiempo.

Luisa Alba Lois, Beatriz Rodarte, Claudia Segal, Victor Valdés y Alfonso Vilchis
Facultad de Ciencias,
Universidad Nacional Autónoma de México.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

National Institute of Allergy and Infectious Diseases (NIAID) de NIH, en <http://www3.niaid.nih.gov/topics/Flu/Research/basic/AntigenicShiftIllustration.htm>.

Stryer, L., Berg, J.M. y J. L. Tymoczko. 2006. *Biochemistry*. W. H. Freeman, sexta edición.

Guan, Y., Shortridge, K. F., Krauss S., Li, P.H., Kawao-ka, Y. y R. G. Webster. 1996. en *Journal of virology*, vol. 70 núm. 11, pp. 8041-8046.

Webby, R. J. y Webster, R. G. 2003. En *Science*, vol 302, 28.

Lewin, Benjamin. *Genes IX*. Jones & Bartlett Publishers, novena edición.

IMÁGENES

Pp. 64-66: Lebbeus Woods, The New City, 1984.

