



Panorama Internacional de Influenza Porcina



ESTE PROGRAMA ES PÚBLICO, AJENO A CUALQUIER PARTIDO POLÍTICO. QUEDA PROHIBIDO EL USO PARA FINES DISTINTOS A LOS ESTABLECIDOS EN EL PROGRAMA



**GOBIERNO DE
MÉXICO**

AGRICULTURA
SECRETARÍA DE AGRICULTURA Y DESARROLLO RURAL

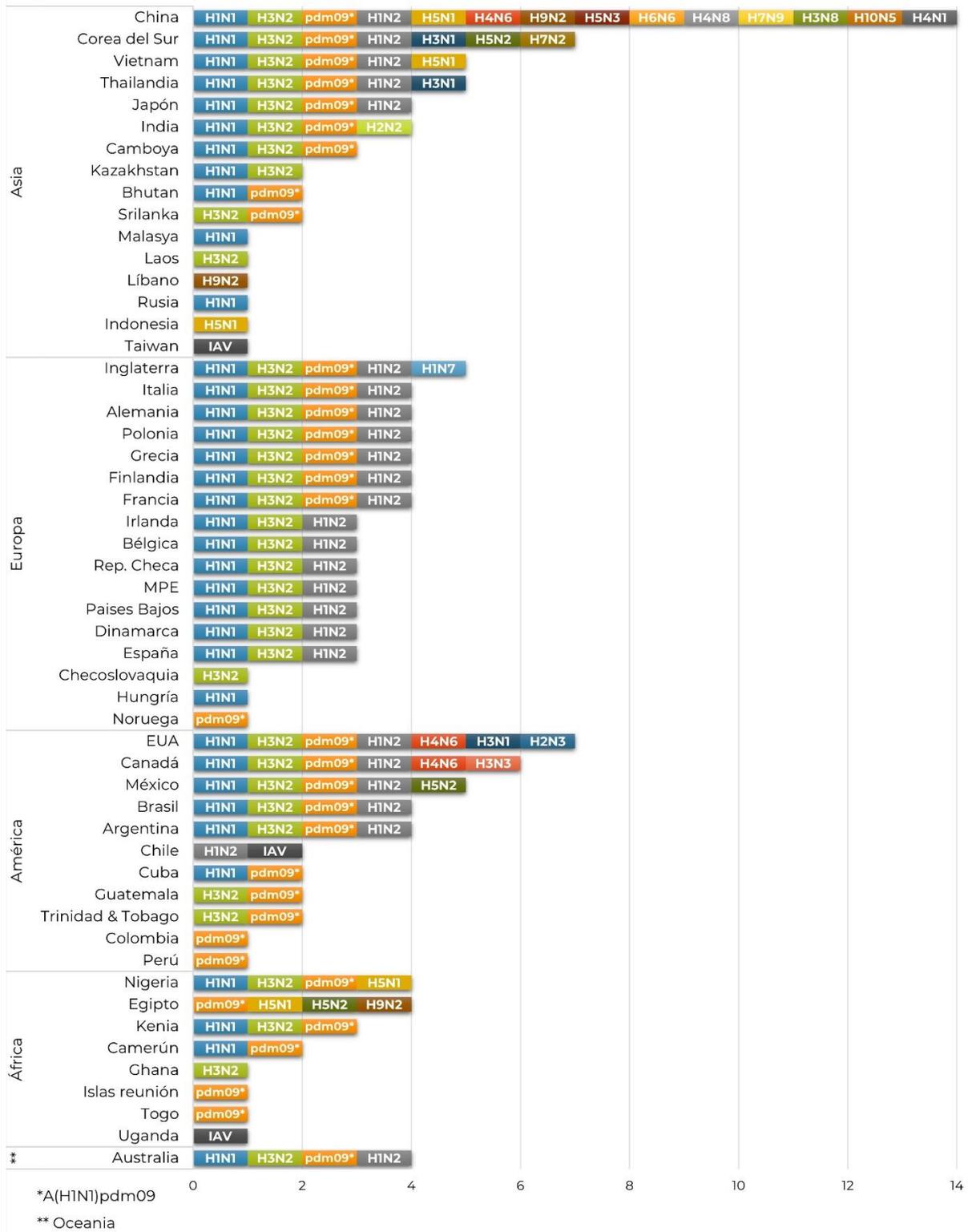


SENASICA
SERVICIO NACIONAL DE SANIDAD,
INGREDIENCIA Y CALIDAD AGROALIMENTARIA

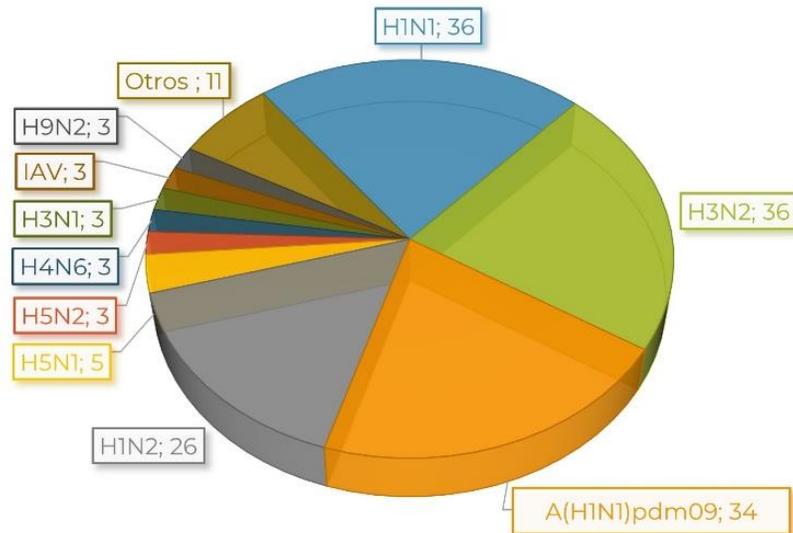


Evento	Tipo de Análisis	Nivel de riesgo	Impacto		
Seguimiento internacional	Panorama Internacional de Influenza Porcina		Alto 3	6	9
			Medio 2	4	6
			Bajo 1	2	3
			Bajo Medio Alto		
			Probabilidad		

<p>Agente causal / Hospederos</p>	<p>La Influenza porcina es una enfermedad altamente contagiosa, causada por el virus de la Influenza A porcina (IAV-S, por sus siglas en inglés), pertenece al género Influenzavirus A de la familia <i>Orthomyxoviridae</i>; estos virus de Influenza A (IAV) se clasifican en subtipos de acuerdo a sus dos antígenos de superficie, las proteínas hemaglutinina (H) y neuraminidasa (N). Se propaga rápidamente, aunque los cerdos infectados pueden no mostrar signos clínicos de infección, y tiene una recuperación rápida, por lo que las tasas de morbilidad pueden alcanzar el 100%, sin embargo, las tasas de mortalidad son bajas; asimismo, la principal repercusión económica está relacionada con un ligero retraso en el aumento de peso. Los virus de la Influenza porcina ocasionalmente afectan a otras especies, incluidos pavos, visones, hurones y humanos.</p> <p>Esta enfermedad se transmite por vía aérea a través aerosoles emitidos por estornudos y tos, así como por contacto con la secreción nasal, ya sea directamente o a través de fomites; la excreción nasal del virus ocurre dentro de las 24 horas posteriores a la infección, y puede durar entre 7 y 10 días (CFSPH,2009) (OIE, 2021).</p> <p>En la producción porcina, la enfermedad se puede presentar de dos formas, epidémica o endémica; en la primera, el virus pasa rápidamente por todas las fases de una unidad porcina con una rápida recuperación, siempre que no haya factores que lo compliquen, como infecciones secundarias causadas por bacterias. En la forma endémica, los signos clínicos pueden ser menos evidentes y no todos los cerdos pueden mostrar signos clínicos típicos de infección. (OIE, 2021)</p>
<p>Estatus</p>	<p>La Influenza porcina no está incluida en la lista de enfermedades de la OIE, ya que se manifiesta como una enfermedad leve en los cerdos y rara vez se han documentado casos en humanos, por lo que no cumple los criterios de la OIE respecto a la declaración de enfermedades (OIE, 2021).</p>
<p>Situación internacional</p>	<p>Los virus de la Influenza porcina más importantes que circulan actualmente contienen H1, H2 o H3, y N1, N2 o N3, siendo los más comunes H1N1 (clásico, aviar/av y humano/hu), H1N2 (hu y reagrupado /r) y H3N2 (r). Estos virus, son endémicos en la mayoría de las regiones donde hay poblaciones densas de cerdos; es común en América, Europa y en algunas partes de Asia, asimismo, se han observado en África; sin embargo, los virus H1N1, H1N2 y H3N2 que se encuentran en Europa son antigénica y genéticamente diferentes de los que se encuentran en América. Otros subtipos que se han identificado con poca frecuencia en cerdos incluyen rH1N7, rH3N1, H2N3, avH4N6, avH3N3 y avH9N2 (CFSPH,2016 / OIE 2021).</p> <p>Distribución de la Influenza porcina</p> <p>De acuerdo con diversos artículos y casos reportados en la población porcina a nivel mundial, recopilados en una revisión bibliográfica realizada por la Universidad de KwaZulu-Natal, Sudáfrica (Chauhan, 2020), hasta febrero de 2020, de los IAV presentes en la población porcina, se ha identificado la prevalencia de 21 subtipos en 53 países de cinco continentes. En China se encuentra reportada la mayor cantidad de subtipos de Influenza en cerdos (14 subtipos), seguido de Estados Unidos de América (EUA) y Corea del Sur con siete subtipos reportados en cada uno. El continente europeo tiene la mayor cantidad de países identificados con registros de Influenza porcina (17), seguido del continente asiático (16); en América solo se tienen registros de 11 países para esta enfermedad en cerdos (Gráfica 1).</p> <p>De los subtipos registrados, los de mayor distribución son H1N1 y H3N2, que se encuentran presente en 36 países y son los que con mayor frecuencia se reportan en países de Asia y Europa; les sigue A(H1N1)pdm09 (causante de la pandemia en 2009) que se encuentra presente en 34 países, el cual es el más reportado en países de América y África; y el subtipo H1N2 que se encuentra en 26 países, principalmente de Europa y América, el resto de los subtipos se encuentran reportados cada uno en 5 países o menos (Gráfica 2).</p>



Gráfica 1. Distribución de los subtipos de IAV-S con mayor prevalencia por país y continente.



Gráfica 2. Subtipos de IAV-S con mayor prevalencia, por número de países reportados.

Influenza porcina y su importancia en salud pública

La Influenza porcina no infecta normalmente al hombre, sin embargo se han presentado notificaciones de brotes y casos esporádicos en humanos provocados por estos, que en la mayor parte se han debido al contacto directo y estrecho que tienen las personas afectadas con los cerdos, asimismo estas infecciones generalmente no tienen la capacidad de transmitirse entre humanos, salvo un reducido número de ocasiones, como lo fue en la pandemia reportada en 2009; también se han dado casos de transmisión del hombre al cerdo, con virus de la gripe humana. Generalmente la transmisión entre el cerdo y el hombre, así como en el interior de esas dos especies, suele producirse por contacto directo o indirecto con secreciones respiratorias o aerosoles transmitidos a través de la tos y de estornudos (OMS, 2009).

Esta transmisión entre especies se debe a que los cerdos tienen receptores en sus vías respiratorias que pueden unirse a los IAV de las especies porcina, humana y avícola, lo que permite que en esta especie puedan desarrollarse nuevos virus de influenza a través del reordenamiento genético de los IAV de cerdos, aves y/o humanos. La recombinación entre diferentes cepas produce la aparición periódica de cepas nuevas (OIE, 2021).

El cambio abrupto en los subtipos que se encuentran en una especie hospedero se llama "cambio antigénico", que puede producirse mediante tres mecanismos: 1) la recombinación genética entre subtipos, 2) la transferencia directa de un virus completo de una especie hospedero a otra, o 3) el resurgimiento de un virus que se encontró anteriormente en una especie pero que ya no está en circulación (un virus humano que durante un tiempo circula en cerdos y podrían resurgir en la población humana). Estos cambios producen el surgimiento periódico de nuevos virus de Influenza. Al evadir la respuesta inmunológica, estos virus pueden causar epidemias o pandemias (CFSPH, 2016).

Debido a estas características, en la primavera de 2009, se detectó un virus H1N1 en humanos (identificado como H1N1pdm09), el cual estaba compuesto por genes de IAV-S, con una historia evolutiva complicada, ya que los genes de matriz y neuraminidasa procedían de H1N1 IAV-S europeo de linaje aviar y los genes restantes eran de IAV-S norteamericano de linaje porcino, aviar y humano. El H1N1pdm09 se propagó rápidamente por todo el mundo a través de la transmisión de persona a persona, sin embargo, los casos porcinos en los hemisferios norte y sur ocurrieron simultáneamente y el virus se volvió endémico en muchas poblaciones porcinas a nivel mundial. Posteriormente, el H1N1pdm09 se reagrupó con otros IAV-S y contribuyó a recombinaciones genómicas de virus recientemente identificadas en todo el mundo (OIE, 2021).

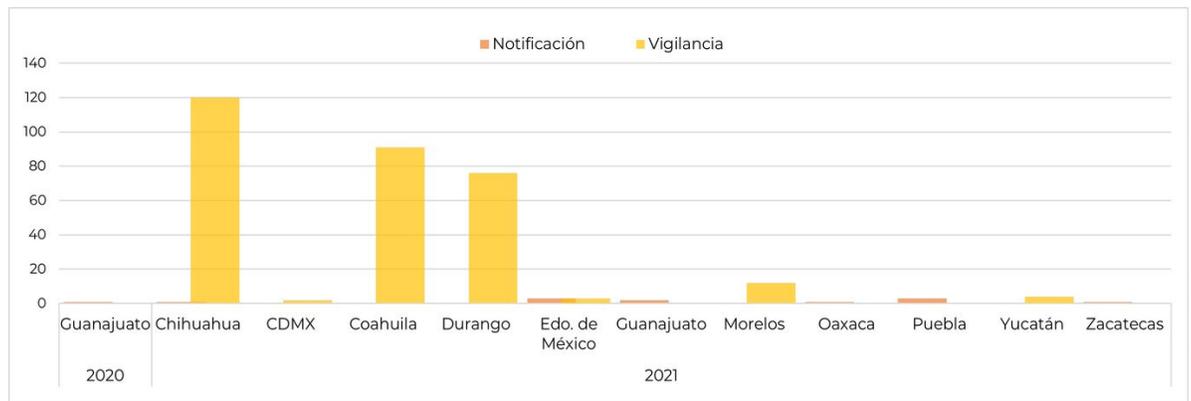
Desde el punto de vista de la salud pública, los resultados son importantes para las evaluaciones de riesgo de IAV emergentes, la resistencia a los medicamentos antivirales o el aumento de la patogenicidad, así como la preparación para una pandemia.

Distintos países como Dinamarca, Rusia, China y EUA, han realizado investigaciones en las cuales se le ha dado seguimiento a las variaciones genéticas del IAV-S que han estado surgiendo, con la finalidad de detectar posibles amenazas sobre el surgimiento de un virus con las características para generar una nueva pandemia. A lo largo de estas investigaciones se ha identificado el surgimiento de genotipos virales de la Influenza porcina, derivados de múltiples reordenamientos genéticos. Uno de estos genotipos, el Genotipo 4 (G4) que ha predominado en la población porcina desde 2016 y es una combinación de tres linajes: uno similar a las cepas encontradas en aves europeas y asiáticas, la cepa H1N1pdm09 y una H1N1 norteamericana (triple-reassortant o TR) que tiene genes de los virus de la Influenza aviar, humana y porcina (Sun, 2020). Así mismo, a través de la vigilancia que se ha desarrollado en cerdos en Dinamarca, se han identificado en 129 muestras positivas a IAV, hasta 17 genotipos humanos circulantes diferentes, lo que enfatiza la importancia de la vigilancia para descubrir nuevas cepas IAV-S (Riyt-Hansen P., 2021).

Acciones

Actualmente, distintos países cuentan con acciones de vigilancia para Influenza porcina, así como el desarrollo de diversas investigaciones en torno al virus de la Influenza tipo A y la interacción entre los subtipos y variantes que se encuentran actualmente circulando en las poblaciones tanto porcinas como humanas. En el caso de la producción porcina, no se cuentan con acciones específicas para la enfermedad, ya que no es de gran impacto productivo y económico; asimismo, la mayoría de las acciones para prevenir la presencia de Influenza porcina en humanos es meramente informativa a manera de recomendaciones.

En el periodo de 2020 al 2021 se realizaron 320 investigaciones en once estados, principalmente en 2021 (Gráfica 3), sin embargo, se han efectuado para diagnóstico diferencial entre el síndrome reproductivo y respiratorio porcino (PRRS), enfermedad de Aujeszky (EA), Fiebre Porcina Clásica (FPC), Peste Porcina Africana (PPA) e Influenza porcina, la cual está considerada dentro del **grupo 3 del ACUERDO mediante el cual se dan a conocer en los Estados Unidos Mexicanos las enfermedades y plagas exóticas y endémicas de notificación obligatoria de los animales terrestres y acuáticos**, que está constituido por aquellas enfermedades y plagas que se encuentran presentes en territorio nacional consideradas como endémicas, mismas que representan un menor riesgo desde el punto de vista epidemiológico, económico, de salud pública y para el comercio nacional e internacional, ya que pueden ser controlables a través de las buenas prácticas pecuarias o acuícolas y deben ser de notificación mensual obligatoria al Sistema Nacional de Vigilancia Epidemiológica (SIVE), a través de la Dirección General de Salud Animal (DGSA) del Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria (SENASICA), con el fin de identificar oportunamente cambios en su comportamiento (DOF, 2018).



Grafica 3. Investigaciones realizadas para Influenza Porcina durante 2020 a 2021 (SINEXE, 2022).

Cabe señalar que no se ha demostrado que la Influenza porcina pueda transmitirse al humano por comer carne de cerdo u otros productos de origen porcino.

En el caso de las importaciones a México, en la hoja de requisitos zoonosanitarios solamente se incluye la observación de no haber presentado signología clínica de Influenza porcina hasta 30 días anteriores al embarque para animales vivos procedentes de Canadá y Estados Unidos de América (SENASICA, 2021).

Conclusiones

La gran distribución que existe de los IAV alrededor del mundo, y la característica de los cerdos que son considerados como "recipientes de mezcla" para la generación de nuevos virus reagrupados de Influenza, ya que poseen receptores para los tres tipos de Influenzavirus (aviarios, de humano y porcinos); además de la gran capacidad del virus para reagruparse entre los diferentes subtipos que se han presentado a lo largo de la historia, aumentan las posibilidades de que este agente en particular pueda adaptarse al grado de llegar a generar un nuevo virus pandémico.

Los virus de Influenza porcina saltan a los humanos con frecuencia, pero no de humano a humano, aunque esta característica se ha llegado a observar en algunas cepas genómicas. En gran parte de las investigaciones revisadas, se menciona que, dentro de la mayoría de las cepas identificadas, se detectaron partes del virus H1N1pdm09 causante de la pandemia en 2009, el cual fue capaz de mutar y transmitirse de humano a humano, lo que genera alerta a razón de que otros IAV-S sigan mutando y obtengan la capacidad de transmitirse entre personas. Un ejemplo particular es el IAV con el genotipo G4 que se ha detectado desde 2016 tanto en cerdos como en trabajadores, de acuerdo con investigaciones realizadas en granjas porcinas de China. En otras investigaciones realizadas principalmente en Europa y Asia, se han encontrado genomas de la cepa H1N1pdm09, que ha estado circulando en las poblaciones porcinas de diferentes regiones del mundo.

En el 2021, se observó un aumento en el número de investigaciones realizadas para la detección de Influenza porcina, sin embargo, estas generalmente se realizaron como diagnóstico diferencial de otras enfermedades principalmente exóticas, y el aumento coincide con los eventos recientes de PPA en el continente americano (República Dominicana y Haití).

Referencias

1. CFSPH, 2016. The Center for Food Security and Public Health (CFSPH). College of Veterinary Medicine. Iowa State University. Influenza porcina. En línea: http://www.cfsph.iastate.edu/Factsheets/es/swine_Influenza-es.pdf
2. Chauhan, 2020. Ravendra P. Chauhan, Michelle L. Gordon. A Systematic Review Analyzing the Prevalence and Circulation of Influenza Viruses in Swine Population Worldwide, May 2020. En Línea: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32397138/>
3. DOF, 2018. Diario Oficial de la Federación. ACUERDO mediante el cual se dan a conocer en los Estados Unidos Mexicanos las enfermedades y plagas exóticas y endémicas de notificación obligatoria de los animales terrestres y acuáticos, Publicado en noviembre de 2018. En línea: https://dof.gob.mx/nota_detalle.php?codigo=5545304&fecha=29/11/2018
4. OIE, 2021. Manual de las Pruebas de Diagnóstico y de las Vacunas para los Animales Terrestres 2021. Organización Mundial de Sanidad Animal. En línea: <https://www.oie.int/es/que-hacemos/normas/codigos-y-manuales/acceso-en-linea-al-manual-terrestre/>
5. OMS, 2009. Organización Mundial de la salud. Brote humano de gripe por A(H1N1): consideraciones sobre la interfaz hombre-animal. En línea: https://www.who.int/foodsafety/fs_management/No_02_Influenza_Apr09_sp_rev1.pdf?ua=1
6. Riyt-Hansen P., 2021. Co-circulation of multiple Influenza A reassortants in swine harboring genes from seasonal human and swine Influenza viruses. eLife 2021. En línea: <https://doi.org/10.7554/eLife.60940>
7. SENASICA, 2022. Consulta de requisitos zosanitarios para importación de mercancías, SENASICA En línea: <https://sistemasssl.senasica.gob.mx/mcrz/muestraComb2.jsf>
8. SINEXE, 2022. Sistema de Información Nacional de Enfermedades Exóticas y Emergentes. Dirección General de Salud Animal, SENASICA.
9. Sun, 2020. Honglei Sun, Yihong Xiao, et al. Prevalent Eurasian avian-like H1N1 swine Influenza virus with 2009 pandemic viral genes facilitating human infection. Proceedings of the National Academy of Sciences (PNAS). En línea: <https://www.pnas.org/content/early/2020/06/23/1921186117>