

FRECUENCIA SEROLÓGICA DEL SUBTIPO H1N2 DEL VIRUS DE INFLUENZA PORCINA EN EL ESTADO DE JALISCO.

José Francisco Rivera-Benítez^{1*}, Jazmín De la Luz Armendáriz², Marta Macías García³, Suzel Guadalupe Saucedo-Cerecer⁴, Jorge Galindo Barboza¹

¹Centro Nacional de Investigación Disciplinaria en Salud Animal e Inocuidad, INIFAP. ²Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, UNAM. ³Investigadora independiente. ⁴Unión Regional de Porcicultores de Jalisco y Comité Estatal de Fomento a la Protección Pecuaria de Jalisco.

*Autor para correspondencia: rivera.francisco@inifap.gob.mx

Palabras clave: Influenza, IHA, frecuencia.

Introducción

Las características genéticas (ARN segmentado) del virus de la influenza A permiten eventos de reordenamiento cuando dos o más virus coinfectan una sola célula. Estos eventos no son raros en la naturaleza y es considerado un mecanismo para la generación de virus con potencial pandémico en la población humana, particularmente cuando se presentan estas coinfecciones en una especie altamente susceptible, como el cerdo. Desde el año 1998, se han aislado virus de la influenza H3N2 triplemente reordenante que contienen genes de linaje humano, porcino clásico y aviar en cerdos de Estados Unidos. A inicios de la década de 2000 se ubicaron cepas de influenza porcina H1N1 clásica recombinados con las cepas H3N2, dando como resultado el subtipo H1N2 que contenían genes de linajes de virus de influenza humana, porcina clásica y aviar (1). En el año 2012 se reportó una cepa del subtipo H1N2 en Ontario, que contenía la HA1 homóloga (99%) a la cepa A(H1N1)pdm09 [A/México/ InDRE4487/09] de México (2). Este mismo subtipo se reportó en México en el año 2013 y 2014 (3,4). Actualmente, se aplica de manera limitada una vacuna inactivada con los subtipos H1N1, H3N2 y H1N2, sin embargo, no se conoce ampliamente el estado serológico que se presenta en las granjas del estado de Jalisco con relación al subtipo H1N2.

Objetivo

Aplicar una encuesta serológica en granjas porcinas comerciales, en el Estado de Jalisco, sospechosas a la infección con el virus de la influenza porcina subtipo H1N2.

Materiales y métodos

Muestras biológicas

Como parte del programa de vigilancia epidemiológica en el Estado de Jalisco, se realizaron encuestas a productores y se planificaron muestreos en granjas sin cuadros respiratorios activos (años 2022-2024), se colectaron 2209 sueros de 101 granjas del Estado de Jalisco. Las muestras de suero fueron analizadas mediante inhibición de la hemaglutinación (IHA) para el subtipo H1N2.

Las unidades de producción se consideraron por región de acuerdo a la clasificación del Grupo Estatal de Vigilancia Epidemiológica (GEVE), el cual considera una regionalización de acuerdo a lo siguiente:

Región A: corresponde a las regiones norte, sur y este, en donde existe una menor densidad de población porcina.

Región B1: zona de los Altos Norte.

Región B2: zona de los Altos más densamente poblada.

Región B3: zona de los Altos de baja densidad poblacional.

Prueba serológica

Prueba de inhibición de la hemoaglutinación (IH)

La evaluación serológica se llevó a cabo por medio de la prueba de inhibición de la hemoaglutinación (IH) empleando lotes virales previamente. La prueba de IH se realizó con diluciones dobles seriadas del suero comenzando 1:20 y finalizando en la dilución 1: 5,120, se emplearon ocho unidades hemoaglutinantes de cada cepa viral. Los sueros se consideraron como suero positivo a la presencia de anticuerpos específicos

en contra del subtipo viral analizado, en todos aquellos pozos en donde se observó sedimentación de glóbulos rojos y los sueros negativos serán aquellos pozos en los que se identifique hemoaglutinación. El punto de corte fue a partir de la dilución 1:80 y hasta 1:5,120, las cuales fueron consideradas como positivas.

Resultados

Se detectó 100% de seropositividad en las granjas analizadas, con diferente porcentaje de presentación de acuerdo al título de anticuerpos (Cuadro 1). Se identificó en promedio un 84.18% de sueros positivos para el subtipo H1N2. La mayor cantidad de títulos se encuentra distribuida en la clasificación de títulos bajos, lo que podría expresar una exposición previa antigua o anticuerpos derivados de inmunización, sin embargo, la relación con la cobertura de vacunación es baja (Cuadro 2).

Cuadro 1. Distribución porcentual de los títulos de anticuerpos para el subtipo H1N2

Título de anticuerpos	H1N2
<80	12.72
80	30.96
160	31.05
320	15.36
640	6.79
1280	2.09
2560	0.91
5120	0.09

Cuadro 2. Distribución porcentual de la positividad serológica para el subtipo H1N2 y porcentaje cobertura vacunal en 101 granjas analizadas.

Región	Granjas (n)	Sueros (n)	H1N2 (%)	Cobertura vacunación (%)
A2	2	50	60	50
A3	14	315	75	36
A4	20	440	90	50
A5	9	220	85	11
B1	9	225	61	33
B2	14	296	93	29
B3	33	663	91	18

La distribución geográfica de las granjas seropositivas se presentó principalmente en la zona de los altos B2 y B3, en la figura 1 se muestran los patrones observados.

Discusión

Con la prueba serológica realizada se demostró la presencia de anticuerpos contra el virus de influenza subtipo H1N2 en las muestras analizadas, en las 101 granjas incluidas en el presente estudio. Se identificaron porcentajes de positividad por región del 60 al 93%, en algunos casos con títulos de anticuerpos altos, lo que refleja la circulación del subtipo H1N2 en la porcicultura del estado. En el año 2014, en un muestreo realizado en el estado de Jalisco, se identificó un 35.2% de seropositividad en 12 municipios (4), lo que indica un incremento de más del 100% en un periodo de 10 años. La cobertura de vacunación es escasa, registrando un valor del 30% en promedio para las 4 regiones analizadas. De cuatro vacunas comerciales registradas, solamente una cuenta con el subtipo H1N2 en su formulación, lo que, de acuerdo a los resultados de la frecuencia serológica, refuerza la importancia de contar con mayor diversidad de vacunas que contengan el subtipo analizado. El estado de Jalisco es el principal productor de cerdo a nivel nacional y mantiene esta importante actividad como un pilar de la economía estatal. La vigilancia de los diferentes subtipos de influenza porcina refleja la necesidad de realizar estudios exhaustivos en torno a la prevalencia, circulación por estación climatológica, entre otras. Con la información obtenida se plantean

desarrollos tecnológicos asociados a pruebas de diagnóstico o biológicos adaptados a las necesidades reales, partiendo de la obtención de cepas mexicanas que sean referente en la porcicultura estatal.

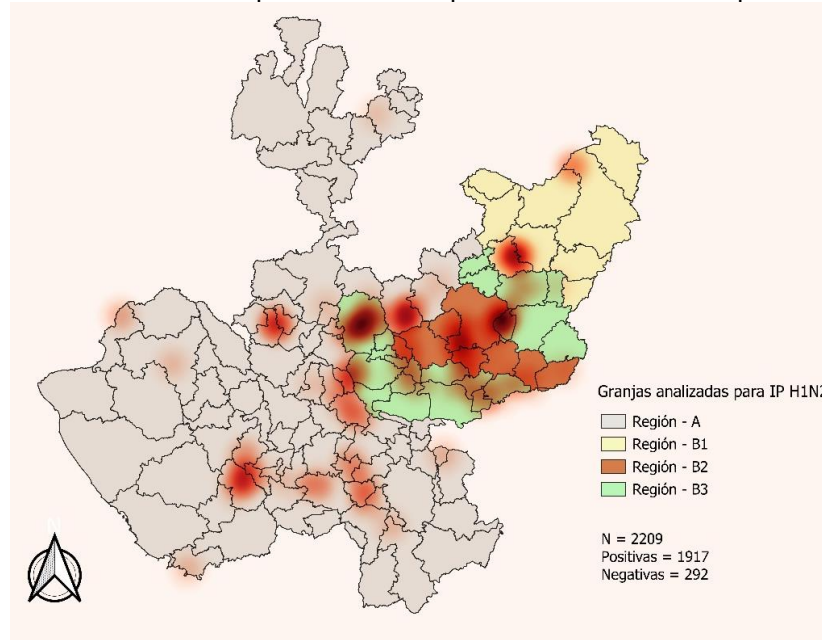


Figura 1. Distribución de las granjas estudiadas para influenza porcina subtipo H1N2, por región. El mapa de calor representa los títulos de anticuerpos obtenidos mediante la prueba de inhibición de la hemaglutinación en muestras recolectadas en granja.

Conclusiones

Se identificó una alta seropositividad al virus de influenza porcina, los seroperfiles realizados permitieron ubicar la distribución de títulos de anticuerpos para el subtipo H1N2. Con la información generada se continúan con proyectos que buscan desarrollar pruebas de diagnóstico y biológicos adaptados a las necesidades regionales, en este caso el estado de Jalisco.

Fuente financiadora

Proyecto Recursos Fiscales INIFAP. SIGI No. 7285536076.

Referencias bibliográficas

1. Karasin AI, Carman S, Olsen CW2006. Identification of Human H1N2 and Human-Swine Reassortant H1N2 and H1N1 Influenza A Viruses among Pigs in Ontario, Canada (2003 to 2005). *J Clin Microbiol*44: <https://doi.org/10.1128/jcm.44.3.1123-1126.2006>
2. Grgić, H., Costa, M., Friendship, R. M., Carman, S., Nagy, É., & Poljak, Z. (2015). Genetic Characterization of H1N1 and H1N2 Influenza A Viruses Circulating in Ontario Pigs in 2012. *PLoS one*, 10(6), e0127840. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0127840>
3. Nelson, M., Culhane, M. R., Rovira, A., Torremorell, M., Guerrero, P., & Norambuena, J. (2015). Novel Human-like Influenza A Viruses Circulate in Swine in Mexico and Chile. *PLoS currents*, 7, ecurrents.outbreaks.c8b3207c9bad98474eca3013fa933ca6. <https://doi.org/10.1371/currents.outbreaks.c8b3207c9bad98474eca3013fa933ca6>
4. Sánchez-Betancourt, J. I., Cervantes-Torres, J. B., Saavedra-Montañez, M., & Segura-Velázquez, R. A. (2017). Complete genome sequence of a novel influenza A H1N2 virus circulating in swine from Central Bajío region, Mexico. *Transboundary and emerging diseases*, 64(6), 2083–2092. <https://doi.org/10.1111/tbed.12620>