



DE INTERES PARA TU CONOCIMIENTO

RECONSTRUCCIÓN DEL VIRUS DE 1918 DE LA GRIPE ESPAÑOLA

Un hito en la historia de la medicina ha sido la reconstrucción molecular del virus de la "gripe española", pandemia gripal de 1918 que mató a más de 50 millones de personas, la denominación deriva de los aliados de la Primera Guerra Mundial, a causa del despliegue noticioso que se le dio en España a la infección gripal, al no estar en guerra y no censurar este tipo de noticias, que infectó a unos ocho millones de españoles, a pesar de que el virus no surgió en España. Se refiere que se originó en Haskell County, Kansas, Estados Unidos de América¹. El virus se identificó como virus de la influenza aviar A H1N1 que saltó hasta los humanos.

El trabajo de reconstrucción comenzó en 1995 por el Dr. Jeffery Taubenberger², Jefe del Departamento de Patología Molecular, Instituto de Patología de las Fuerzas Armadas en Washington, quien se involucró en pescar fragmentos del virus A H1N1, de pedacitos de tejido pulmonar de dos soldados muertos por la pandemia de 1918, uno en Massachusetts y uno en Long Island y de una mujer muerta en Alaska por la misma causa. Taubenberger y colegas, trazaron cuidadosamente la secuencia genética, sintetizaron el virus usando herramientas de biología molecular e infectaron ratones y células de pulmón humano en un laboratorio seguro del Centro para la Prevención y Control de las Enfermedades (CDC por sus siglas en inglés).



El Dr. Taubenberger despliega una película de gel de secuenciación, una representación visual del código genético del virus de la gripe de 1918.

El virus letal de la gripe española, actuó diferentemente de los virus ordinarios de la gripe humana, al infectar células profundas de los pulmones de ratones, lo mismo que a células de la línea de los sacos de aire. En donde otros virus de gripe humana no matan ratones, el H1N1 si lo hace, matando a todos los ratones infectados en el lapso de 6 días, los cuales tenían en sus pulmones 39,000 veces más

partículas virales después de 4 días, que aquellos infectados con cepas de virus de gripe actuales. Además, se ha revelado un pequeño número de cambios genéticos significativamente diferentes de los virus de las pandemias más recientes de 1957 y de 1968, cuyos virus fueron un rearme de virus de gripe humana que tomaron unos pocos elementos genéticos de virus de influenza aviar, en tanto que, más probablemente el A H1N1, fue un virus completo de la influenza aviar que se adaptó a los humanos.

La investigación también confirma la legitimidad de las preocupaciones existentes, acerca del virus de la influenza aviar A H5N1, que desde 1997 emergió en Asia matando los primeros humanos, diezmando desde entonces bandadas de aves por brotes de gripe aviar. Desde diciembre de 2003 hasta marzo de 2006, más de 180 personas contraerán la enfermedad directamente de las aves. Sin embargo, ha habido poca transmisión entre personas. En contraste el virus de la pandemia de 1918, fue altamente infeccioso y letal, atacando a los jóvenes y sanos, matándolos frecuentemente dentro de días. Se recuerdan historias sobre esta pandemia de gripe: "una mujer abortó el subterráneo en New York para hacer un viaje de 45 minutos; ella debe haberse sentido un poco enferma antes de iniciar el viaje, a los pocos minutos del trayecto sintió que le faltaba el aire, su condición se deterioró cuando sus pulmones se llenaron de líquidos; por el tiempo que el tren llegó a su destino, había muerto"³.

De acuerdo a los anticuerpos encontrados entre los sobrevivientes de la gripe española y de la evidencia genética de los virus, estos habían vivido en cerdos⁴ antes de pasar a los humanos, un modo de transmisión que produce las cepas más peligrosas de gripe, según se ha comprobado al infectar experimentalmente a cerdos con un mutante avirulento, en donde el fenotipo parental virulento de cerdo emerge dentro de unos pocos días, indicando una rápida evolución y emergencia *in vivo* de la forma virulenta. Dado que el virus A H5N1 ya ha sido encontrado en cerdos: dos en China, uno en Vietnam, y uno en Indonesia, se ha incrementado el temor de que mediante este mecanismo pueda ocurrir un intercambio genético, que evolucione hacia una cepa pandémica humana, a causa de que los cerdos pueden albergar virus de gripe humana y aviar.

Adicionalmente, algunos de los diez cambios que tenía la proteína de la polimerasa⁵ del virus AH1N1 reconstruido, han sido encontrados en el virus AHSN1 que lo diferencian de las secuencias de otros virus de la gripe aviar. Lo cual establece una base racional para temer que el virus A H5N1 llegue a ser el causante de una inminente pandemia de gripe altamente mortal.

1. Kolata, G. 2005. Experts Unlock Clues to Spread of 1918 Flu Virus. New York Times, oct. 6.

[www.nytimes.com/2005/10/06/health/06flu.html?_r=1&sq=1918&st=nyt&en=06flu&int=0&ref=fl](http://www.nytimes.com/2005/10/06/health/06flu.html?_r=1&sq=1918&st=nyt&en=06flu&int=0&ref=fl&_r=1&sq=1918&st=nyt&en=06flu&int=0&ref=fl)

2. Citado en The Great Influenza, Wing, 546 p., libro que llegó en autoridades de salud pública de Estados Unidos para iniciar acciones de preparación que enfrenten una potencial pandemia causada por H5N1.

3. Department of Molecular Pathology, Building 101, Room 1057D, 14B Research Boulevard, Rockville, MD 20850. E-mail: taubenberger@afp.pod.nih.gov

4. MacCorkle, D. 2004. Down with the Flu? Magazine Issue 2436. www.norciatf.com/channel/health/bird_flu/bird2436_2004

5. Kolata, G. 1997. Genetic Material of Virus From 1918 Flu Is Found. New York Times, march 21. www.nytimes.com/gst/health/article.page.html?res=9C0CEED8B73BF932A5750CC9A9595260A/ta-y

6. La enzima polimerasa en los Orthomyxovirus es una ARN polimerasa dependiente de ARN, característica de virus ARN de hebra simple negativa, que ensambla residuos de ácidos ribonucleicos en polímeros de ARN.