

Nota Técnica

Nomenclatura del virus influenza

30 de noviembre de 2022

Los virus influenza están entre los agentes más importantes de la infección respiratoria aguda en la población humana, presentan altas tasas de morbilidad y mortalidad, constituyendo una carga importante para los servicios de salud con cerca de 3 a 5 millones de casos de enfermedad grave y alrededor de 290.000 a 650.000 muertes anuales¹.

Caracterización genética del virus influenza

Varias secuencias genéticas del virus influenza están disponibles en bases de datos públicas, incluido más de 1,777,000 secuencias disponibles hasta la fecha en el Iniciativa Mundial para el Intercambio de Datos sobre la Influenza Aviar (GISAID del inglés “Global Initiative on Sharing Avian Influenza Data”).

Las secuencias depositadas en estas bases de datos permiten comparar los genes de los virus influenza que circulan actualmente con la información genómica de los virus influenza más antiguos y los que componen las vacunas.

La caracterización genética es importante para monitorear la evolución del virus influenza; identificar los cambios genéticos que podrían estar asociados con la propagación, gravedad o resistencia antiviral de los virus influenza; evaluar la similitud genética entre las cepas de virus en circulación y las cepas de vacunas; monitorear los cambios genéticos en los virus influenza que circulan en las poblaciones animales².

Teniendo en cuenta la evolución constante de los virus influenza, se necesitan datos de vigilancia en tiempo real y de alta calidad, específicamente datos de secuencia genética, para permitir que los tomadores de decisiones de salud pública generen decisiones sobre estrategias de prevención y control, como la composición de la vacuna contra la influenza³.

¹ OMS. Influenza (Seasonal). 2018 [updated 6 November 2018]. Disponible en: [https://www.who.int/en/news-room/fact-sheets/detail/influenza-\(seasonal\)](https://www.who.int/en/news-room/fact-sheets/detail/influenza-(seasonal))

² CDC. Influenza Virus Genome Sequencing and Genetic Characterization. 2021 [updated 2 November 2021]. Disponible en: <https://www.cdc.gov/flu/about/professionals/genetic-characterization.htm>

³ Leite JA, et al. (2020) Genetic evolution of influenza viruses among selected countries in Latin America, 2017–2018. PLOS ONE 15(3): e0227962. Disponible en: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0227962>.

Nomenclatura del virus influenza

La primera recomendación de la OMS de la nomenclatura del virus influenza se hizo en 1953⁴, después de algunas otras sugerencias, basadas en las características antigénicas seguidas. Actualmente, el sistema recomendado de nomenclatura del virus influenza (Figura 1) debe indicar⁵:

- a) el tipo antigénico (A, B, C o D)
- b) el huésped no humano (por ejemplo, porcinos, equinos, pollos, etc.). Para los virus de origen humano, no se da ninguna designación de huésped de origen.
- c) la ubicación geográfica donde se recolectó la muestra (por ejemplo, Denver, Taiwán, etc.)
- d) el número de muestra (por ejemplo, 7, 15, 875543, etc.)
- e) el año de recolección de muestras (por ejemplo, 1957, 2009, 2022, etc.)
- f) el subtipo para los virus influenza A (por ejemplo, virus influenza A(H1N1), virus influenza A(H5N1)).

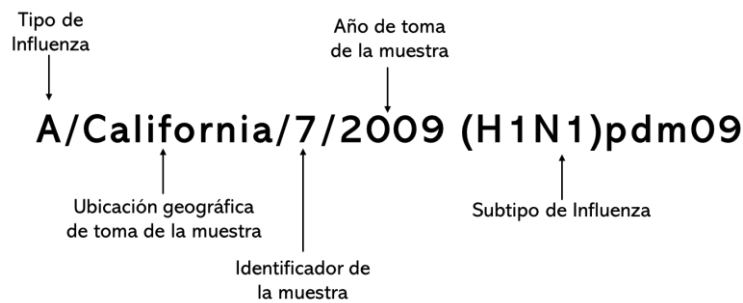


Figura 1: Nomenclatura del virus influenza. El nombre comienza con el tipo de virus influenza, seguido del lugar donde se recolectó el virus, el número de cepa del virus (a menudo un identificador de muestra), el año de recolección de la muestra y, finalmente, el subtipo del virus influenza. Fuente: OMS⁵, CDC⁶.

Al virus pandémico de 2009 se le asignó un nombre distinto: A(H1N1)pdm09 para distinguirlo del virus influenza estacional A(H1N1) que circularon antes de la pandemia.

Cuando los seres humanos se infectan con virus influenza que normalmente circulan entre los porcinos (cerdos), este virus se denomina "virus variante" y se designa con la letra "v" (por ejemplo, un virus A(H3N2)v)⁶.

Ejemplos:

A/swine/South Dakota/152B/2009 (H1N2)

A/Denver/1234/2020 A(H3N2)v

A/equine/Texas/2/2021 (H3N8)

A/California/04/2009 A(H1N1)pdm09

A/duck/New York/492/2010 (H5N2)

B/Santiago/29615/2020

A/environment/Wisconsin/1/2021 (H3N2)

C/Minnesota/10/2015

A/Rio de Janeiro/62434/2021 (H3N2)

⁴. Chanock, R. H. et al. A Revised System of Influenza Virus Nomenclature: A Report of the WHO Study Group on Classification. *Virology* 47, Issue 3, 854-856 (1972). Disponible en: [https://doi.org/10.1016/0042-6822\(72\)90580-6](https://doi.org/10.1016/0042-6822(72)90580-6).

⁵. OMS. A revision of the system of nomenclature for influenza viruses: a WHO Memorandum. *Bulletin of the World Health Organization*, 58 (4): 585-591 (1980). Disponible en: <https://apps.who.int/iris/handle/10665/262025>.

⁶. CDC. Types of Influenza Viruses. 2021. [updated 2 November 2021]. Disponible en: <https://www.cdc.gov/flu/about/viruses/types.htm>.

Iniciativa Mundial para el Intercambio de Datos sobre la Influenza Aviar (GISAID)

La plataforma GISAID se lanzó en 2008 como una alternativa al modelo de intercambio de dominio público para mejorar el intercambio de datos sobre la influenza. Desde su lanzamiento, GISAID desempeña un papel esencial en el intercambio de datos entre los Centros Nacionales de Influenza y los Centros Colaboradores de la OMS para las recomendaciones de la vacuna contra el virus influenza por parte del Sistema Mundial de Vigilancia y Respuesta a la Influenza (GISRS) de la OMS⁷.

La publicación de secuencias en GISAID requiere el uso de la nomenclatura recomendada por la OMS. Para eso, hay dos convenciones de nomenclatura para el campo obligatorio, nombre del virus influenza, una para hosts humanos y otra para todos los demás hospederos.

El formato para humanos es:

[tipo de influenza]/[región]/[número de referencia interno]/[año de recolección]
A/Wisconsin/2145/2001

y para todos los demás hospederos:

[tipo de influenza]/[huésped]/[región]/[número de referencia interno]/[año de recolección].
A/chicken/Rostov/864/2007

Orientaciones para las autoridades nacionales

La OPS/OMS reitera a los Estados Miembros la necesidad de mantener una nomenclatura estandarizada del virus influenza al cargar las secuencias genómicas del virus influenza en GISAID u otra base de datos existente para evitar el rechazo de las secuencias en las plataformas y para mantener la información crítica e informativa asociada a la nominación del virus influenza.

⁷ GISAID. Global Initiative on Sharing Avian Influenza Data (GISAID). 2022. _Disponible en: <https://gisaid.org/>.