

BÁ SICA INVESTIGACIÓN

COMPARACIÓN DEL ANÁLISIS DE LA MADURACIÓN DE LA SUTURA MEDIA PALATINA MEDIANTE LA CLASIFICACIÓN DE ANGELIERI VS LA DENSIDAD ÓSEA EN CBCT

Lievana González, Arturo¹, Fernández Tamayo, Alejandro²

Resumen: El virus de gripe aviar representa actualmente un potencial agente pandémico, cuyas mutaciones en proteínas específicas le confieren ventajas adaptativas, entre ellas la capacidad de saltar la barrera de la especie y con esto, la transmisión a humanos. En México se han identificado los subtipos H5N1, H5N2 y H5N3 en quienes se encontraron mutaciones en proteínas específicas en las subunidades de la RNA polimerasa PB2 (L89V y A676T), PB1 (L13P), NP (N319K) que le confieren la capacidad de replicación a menores temperaturas, potenciar la patogenia en mamíferos, aumenta la actividad de la enzima RNA polimerasa, así como compensar la ausencia de otras mutaciones ya identificadas. Por otro lado, las mutaciones en HA (I155T y N186K) y NA (A46D) potencian la unión y replicación en la célula hospedero a menores temperaturas, evasión del sistema inmune, así como la unión a receptores humanos. Se identificaron las mutaciones de los virus de influenza aviar del subtipo H5N1 reportados en la literatura científica, a partir de secuencias de proteínas obtenidas de la base de datos Influenza virus database del National Center for Biotechnology Information (NCBI) y alineadas en el programa Bioedit Sequence Alignment Editor para su análisis en donde se encontró un predominio de mutaciones en las subunidades PB2 y PB1 de la polimerasa, con algunas mutaciones aisladas en las proteínas PA, NP, HA y NA.

Estos resultados son relevantes para comprender los factores determinantes de la infección en humanos en subtipos de origen aviar aislados en México y pueden ayudar en la predicción de virus de influenza aviar con potencial zoonótico. Del mismo modo, es posible idear estrategias de control de brotes a partir de la identificación de las mutaciones con gran impacto en virus de influenza de alta patogenicidad y los cambios adaptativos que el virus de influenza subtipo H5 desarrolle.

Palabras clave: Sutura media palatina 1, clasificación de Angelieri 2, densidad ósea 3, unidades Hounsfield 4, expansión maxilar 5.

REFERENCIAS

- [1.] Pérez-Ramírez E, Iglesias I, Alvar J, Casas I. ¿Podría la gripe aviar A(H5N1) causar una nueva pandemia? An RANM. 2023;140(02): 194–201. Disponible en: <https://doi.org/10.32440/ar.2023.140.02.rev08>
- [2.] Cumulative number of confirmed human cases for avian influenza A(H5N1) reported to WHO, 2003- 2021 [Internet]. Who.int. Disponible en: [https://www.who.int/publications/m/item/cumulative-number-of-confirmed-human-cases-for-avian-influenza-a\(h5n1\)-reported-to-who-2003-2020](https://www.who.int/publications/m/item/cumulative-number-of-confirmed-human-cases-for-avian-influenza-a(h5n1)-reported-to-who-2003-2020)
- [3.] Capelluto MF, UB, Argentina, CABA. La epidemia de gripe aviar puede convertirse en una futura pandemia. 2023 [citado el 1 de junio de 2024];11(1):106–39. Disponible en: <https://publicacionescientificas.uces.edu.ar/index.php/ratioiurisB/article/view/1564>
- [4.] European Food Safety Authority, European Centre for Disease Prevention and Control, European Union Reference Laboratory for Avian Influenza, Adlhoch C, Fusaro A, Gonzales JL, et al. Avian influenza overview December 2022 - March 2023. EFSA J [Internet]. 2023;21(3):e07917. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.2903/j.efsa.2023.7917>
- [5.] Velasquez Peña MA, Manrique Flórez AJ, Jaramillo-Hernández DA. Influenza aviar de alta patogenicidad y sus saltos interfaces entre aves y mamíferos: situación actual. Rev Sist Prod Agroecol [Internet]. 2023;14(1):65–84. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.22579/22484817988>

