

2. LOS VIRUS

Los hantavirus son virus esféricos con una cubierta de lípidos, que tienen de 80 a 110 nm de diámetro. El genoma de ARN es trisegmentario, con un segmento grande (L) cuya longitud es de unos 6500 nucleótidos; un segmento medio (M), que tiene alineados de 3600 a 3800 nucleótidos, y un segmento pequeño (S), con una longitud aproximada de 1700 a 2100 nucleótidos (4). El primer segmento codifica una polimerasa vírica; el segundo, glucoproteínas G1 y G2 de recubierta, y el tercero codifica la proteína N de la nucleocápside.

El análisis filogenético de los genes de hantavirus transmitidos por roedores ha indicado la existencia de tres linajes principales. Los virus que causan FHSR pertenecen a un linaje del Viejo Mundo, en tanto que todos los virus que causan SPH comparten un linaje común del Nuevo Mundo y están presentes en miembros de una sola subfamilia de roedores (*Sigmodontinae*) de la familia *Muridae* (4, 5). Algunos de los virus presentes en roedores sigmodontinos constituyen especies totalmente independientes, según pruebas genéticas, serológicas, vínculo con el huésped reservorio o los tres tipos de pruebas (Cuadro 1). Otros virus están en proceso de evaluación (Cuadro 2), como lo están los criterios para definir las especies de hantavirus. En el continente americano se han identificado exclusivamente por lo menos 13 especies de hantavirus y de ellas, seis causan

SPH (Cuadro 1). Los diversos hantavirus que ocasionan SPH generalmente difieren en menos de 30% de los nucleótidos. Los anticuerpos séricos de pacientes de SPH muestran reacción cruzada intensa con otros virus del Nuevo Mundo, pero en grado variable con los antígenos de hantavirus del Viejo Mundo.

En la caracterización inicial del virus Sin Nombre no se obtuvieron datos de redistribución genética con hantavirus reconocidos del Viejo Mundo, y las redistribuciones naturales probadas se han limitado solo a diferentes genotipos del VSN (6, 7). Todas las especies conocidas del VSN comparten como mínimo 90% de su homología de secuencia de los nucleótidos, e incluso homologías todavía mayores en las secuencias de los aminoácidos. La redistribución natural puede ocasionar homologías diferentes en el ordenamiento de los nucleótidos, respecto a un segmento génico, en comparación con los otros dos, pero tal situación no se ha vinculado con diferencias en la patogenicidad viral. Por esta razón, es poco probable que la redistribución genética con otros virus explique la patogenicidad recién identificada de los virus que causan SPH; más bien el síndrome pulmonar por hantavirus y los virus que lo causan, quizá han existido en el continente americano durante muchos años, a pesar de que solo se les detectó en fecha reciente.

CUADRO 1. Virus del género *Hantavirus*, familia *Bunyaviridae*.

Virus	Abreviatura	Reservorio original	Localización geográfica	Distribución geográfica del roedor huésped ^a	Enfermedad en los humanos	Aislamiento en cultivo celular
Virus que infectan a la subfamilia <i>Murinae</i>						
Hantaan	HTN	<i>Apodemus agrarius</i>	Corea	Asia, Europa	FHSR ^b	Sí
Seoul	SEO	<i>Rattus norvegicus</i> , <i>R. rattus</i>	Corea	Asia, Europa, América	FHSR	Sí
Dobrava-Belgrade	DOB	<i>Apodemus flavicollis</i>	Eslovenia	Europa, Oriente Medio	FHSR	Sí
Thai-749	THAI	<i>Bandicota indica</i>	Tailandia	Asia	Se desconoce	Sí
Virus que infectan a la subfamilia <i>Arvicolinae</i>						
Puumala	PUU	<i>Clethrionomys glareolus</i>	Finlandia	Europa, Asia	FHSR	Sí
Prospect Hill	PH	<i>Microtus pennsylvanicus</i>	Maryland	América del Norte	Se desconoce	Sí
Tula	TUL	<i>Microtus arvalis</i>	Rusia	Europa	Se desconoce	Sí
Khabarovsk	KBR	<i>Microtus fortis</i>	Rusia	Asia	Se desconoce	Sí
Topografov	TOP	<i>Lemmus sibiricus</i>	Siberia	Rusia, Asia, América del Norte	Se desconoce	Sí
Isla Vista	ISLA	<i>Microtus californicus</i>	California	América del Norte	Se desconoce	No
Virus que infectan a la subfamilia <i>Sigmodontinae</i>						
Sin Nombre	SN	<i>Peromyscus maniculatus</i>	Nuevo México	América del Norte	SPH ^c	Sí
New York	NY	<i>Peromyscus leucopus</i>	Nueva York	América del Norte	SPH	Sí
Black Creek Canal	BCC	<i>Sigmodon hispidus</i>	Florida	América	SPH	Sí
Bayou	BAY	<i>Oryzomys palustris</i>	Louisiana	Sudeste de los Estados Unidos	SPH	Sí
Caño Delgadito	CANO	<i>Sigmodon alstoni</i>	Venezuela	América del Sur	Se desconoce	Sí
Río Mamore	RM	<i>Oligoryzomys microtis</i>	Bolivia	América del Sur	Se desconoce	Sí
Laguna Negra	CHP	<i>Calomys laucha</i>	Paraguay	América del Sur	SPH	Sí
Muleshoe	MULE	<i>Sigmodon hispidus</i>	Texas	América	Se desconoce	No
El Moro Canyon	ELMC	<i>Reithrodontomys megalotis</i>	California	América del Norte	Se desconoce	No
Río Segundo	RIOS	<i>Reithrodontomys mexicanus</i>	Costa Rica	México, América Central	Se desconoce	No
Andes	AND	<i>Oligoryzomys longicaudatus</i>	Argentina	América del Sur	SPH	Sí
Virus que infectan a insectívoros						
Thottapalayam	TPM	<i>Suncus murinus</i>	India	Asia	Se desconoce	Sí

^a Distribución aproximada; muchas especies de roedores se concentran en focos, en tanto que otras pueden tener distribuciones amplias.

^b FHSR = fiebre hemorrágica con síndrome renal.

^c SPH = síndrome pulmonar por hantavirus.

CUADRO 2. Genotipos de hantavirus en evaluación que infectan sigmodontinos.

Virus	Reservorio original	Localización geográfica	Enfermedad en los humanos
Monongahela	<i>Peromyscus maniculatus</i>	Estados Unidos	SPH
Blue River	<i>Peromyscus leucopus</i>	Estados Unidos	Se desconoce
Oran	<i>Oligoryzomys longicaudatus</i>	Argentina	SPH
Lechiguanas	<i>Oligoryzomys flavescens</i>	Argentina	SPH
Bermejo	<i>Oligoryzomys chacoensis</i>	Argentina	Se desconoce
Maciel	<i>Necromys benefactus</i>	Argentina	Se desconoce
Pergamino	<i>Akodon azarae</i>	Argentina	Se desconoce
Juquitiba	Se desconoce	Brasil	SPH
HU39694	Se desconoce	Argentina	SPH