

Relación entre la transmisión del nuevo virus de la Influenza A (H1N1) y la distancia del núcleo de la pandemia

Juan Piedra Rubio¹, Álvaro Tapia Pingui¹, María Carpio Ortiz², Cristian Ramírez Portilla³, Franklin Mora Bravo⁴, Guadalupe De La Cruz⁵

- 1 Residente de Terapia Intensiva
- 2 Residente de Traumatología
- 3 Residente de Emergencia
- 4 Nefrólogo
- 5 Enfermera

Recibido: diciembre 20, 2010.
Aceptado: Febrero 8, 2011

Correspondencia:
Juan Piedra Rubio: franpiedra@hotmail.com
Hospital José Carrasco Arteaga
Rayoloma entre Popayán y Pacto Andino Cuenca,
Ecuador
Teléfono 593 7 2828348

Rev Med HJC 2011;3(1):34-38

Resumen

Antecedentes. El virus de la gripe A (H1N1) se ha documentado en cada país afectado y la información facilitada por la Organización Mundial de la Salud nos permite conocer la relación negativa entre la mortalidad, epicentro epidemiológico, y la distancia en que el resto de los países afectados se encuentra.

Métodos. La información de los casos de países infectados por la gripe A (H1N1) que fueron aprobados por millón de habitantes de cada país. Localizaciones geográficas se obtuvieron de la latitud, longitud y el día de los primeros casos que fueron reportados en cada país. El análisis de correlación se realizó entre los datos obtenidos.

Resultados. Existe correlación entre la distancia y la longitud de este a oeste sobre el epicentro de la pandemia en el número de casos por millón de habitantes $r = -0,42$ $r^2 = 0,17$, $P < 0,001$. La mortalidad está en correlación negativa con $r = -0,28$ epicentro epidemiológico $P < 0,001$.

Conclusiones. El virus de influenza A (H1N1) se transmite por la longitud de este a oeste y la ubicación geográfica explica el 25% de la expansión de la pandemia. Se reduce la mortalidad si la infección está lejos del epicentro.

Descriptores DeCS. Influenza A (H1N1), expansión geográfica

Relationship between the transmission of new influenza virus A (H1N1) and the nucleus distance of the pandemic

Abstract

Background. The influenza virus A (H1N1) was documented in each country concerned and the information provided by the World Health Organization allows us to find a negative relationship between mortality, epidemiological epicenter and the distance of the rest countries that were affected.

Methods. Data of cases from countries infected with influenza A (H1N1) which were approved by a million people in each country. Geographical locations were obtained from the latitude, longitude and day of the first cases were reported in each country. The correlation analysis was performed between the data obtained.

Results. There is correlation between distance and the length from east to west over the epicenter of the pandemic on the number of cases per million population $r = -0,42$, $r^2 = 0,17$, $p < 0,001$. Mortality is negatively correlated with $r = -0,28$ epidemiological epicenter $P < 0,001$.

Conclusions. The influenza virus A (H1N1) is transmitted by the length from east to west and geographic location explains 25% of the spread of the pandemic. Mortality is reduced if the infection is far from the epicenter.

Keywords. Influenza A (H1N1), geographical expansion

Antecedentes

En abril de 2009, un porcino - origen de los virus de influenza A (H1N1) (S-OIV), surgido en México y los Estados Unidos. Durante el primer mes de la vigilancia, el virus se disemina por todo el mundo a 135 países (de 6 de julio) de transmisión de humano a humano, haciendo que la Organización Mundial de la Salud aumente esta pandemia a nivel de alerta 6 [1].

La gripe porcina es causada por el virus A (H1N1) y el tipo "A" normalmente son encontrados en los cerdos. Se cree que se han producido cambios en el virus que circula en las Américas (creación de una nueva tensión) que ha permitido que el virus infecte a los seres humanos y se transmite de persona a persona, dando lugar a brotes en países de todo el mundo. La Agencia para la Protección de la Salud ha anunciado que ha hecho un buen progreso en la comprensión de la secuencia genómica del virus para poder entender cómo se comporta el virus cuando infecta a los seres humanos, aunque, cuando el virus se transmite casi siempre evoluciona y cambian su comportamiento [2].

El diagnóstico rápido y preciso de la infección con influenza A (H1N1) es esencial para reducir al mínimo futuras difusiones a través de la aplicación oportuna del tratamiento con antivirales y otras medidas basadas en la salud pública. Se han desarrollado pruebas, como la detección del virus de la influenza A (H1N1) en tiempo real RT-PCR [3], las pruebas de PCR múltiple [4].

La infección por el virus de la influenza A (H1N1) es el más documentado en la historia de la medicina, se sabe desde el primer caso que se presentó en México el 24 de abril de 2009, llamado a éste día 1, hasta el último de los casos en 06 de julio de 2009, llamado a éste día 73 (5-12). Debido al rápido diagnóstico por PCR los casos se han confirmado casi inmediatamente y tenemos cobertura de la enfermedad que proporciona nuevos datos sobre la epidemiología de las enfermedades infecciosas.

En el presente trabajo se han analizado los datos facilitados por la Organización Mundial de la Salud y como un núcleo pandémico ponemos la Ciudad de México. La hipótesis de este trabajo

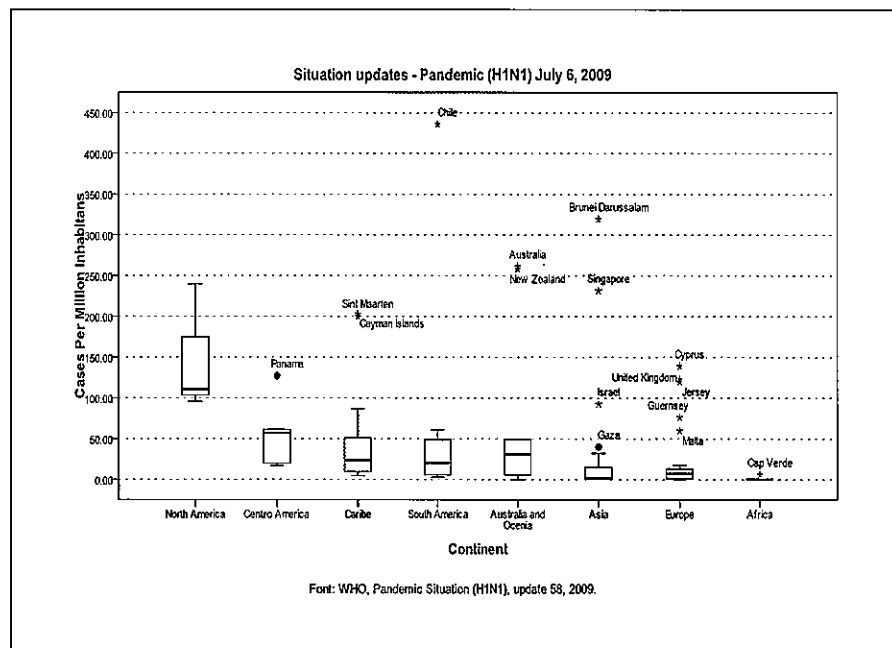


Fig 1

La prevalencia de la infección por continente por un millón de habitantes.

es que existe una correlación negativa entre el centro epidemiológico y la distancia en que se encuentran el resto de los países afectados con la mortalidad y los casos por millón de habitantes.

Materiales y método

Los datos oficiales sobre el número de pacientes infectados y la mortalidad se

tomaron de la Organización Mundial de la Salud OMS. <http://www.who.int/csr/disease/swineflu/updates/en/index.html>

El número de casos fueron aprobados por un millón de habitantes. La población de cada país se obtuvo del último censo oficial reportado en las páginas gubernamentales de cada país.

Se obtuvo el índice global estándar que resulta de la división de los casos

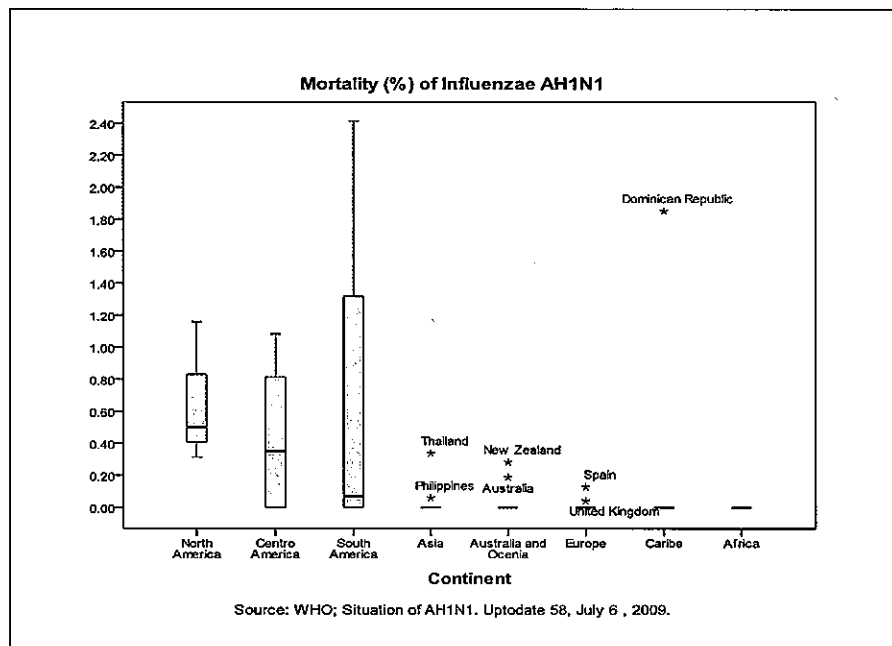


Fig 2

La mortalidad de la Influenza AH1N1 por Continentes

Tabla 1
La prevalencia de la infección con el virus Influenza A (H1N1) y el índice mundial

	Cases/pmp	GNI	Mort.		Cases/pmp	GNI	Mort.
Chile	435.7	31.3	0.19	Finlandia	8.9	0.6	0.00
Brunei Darussalam	319.4	22.9	0.00	Norway	8.7	0.6	0.00
Australia	261.4	18.8	0.19	Netherlands	8.0	0.6	0.00
Nueva Zelanda	258.4	18.5	0.28	Cuba	7.5	0.5	0.00
Canadá	239.6	17.2	0.31	Venezuela	7.3	0.5	0.00
Singapur	231.7	16.6	0.00	Eslovenia	6.9	0.5	0.00
Caimán Islands, UKOT	202.9	14.6	0.00	Martinique, FOC	6.9	0.5	0.00
Netherlands Antilles,				Saint Lucia	6.2	0.4	0.00
St Maarten	199.8	14.3	0.00	Alemania	6.1	0.4	0.00
Cyprus	139.0	10.0	0.00	Cap Verde	6.0	0.4	0.00
Panamá	127.0	9.1	0.00	Samoa	5.6	0.4	0.00
Reino Unido	122.9	8.8	0.04	Bélgica	5.2	0.4	0.00
Jersey, Crown Dependencia	120.1	8.6	0.00	Guadalupe, FOC	4.9	0.4	0.00
EUA	110.6	7.9	0.50	France	4.8	0.3	0.00
México	95.8	6.9	1.16	Malaysia	4.6	0.3	0.00
Israel	92.7	6.7	0.00	Puerto Rico	4.5	0.3	0.00
British Virgin Islands, UKOT	86.6	6.2	0.00	Jordán	4.2	0.3	0.00
Guernsey, Crown Dependencia	76.3	5.5	0.00	Republica de Corea	4.2	0.3	0.00
Costa Rica	61.4	4.4	1.08	Saudi Arabia	4.0	0.3	0.00
Argentina	60.7	4.4	2.41	Brasil	3.9	0.3	0.14
Trinidad and Tobago	60.5	4.3	0.00	Portugal	3.7	0.3	0.00
Malta	60.0	4.3	0.00	Eslovaquia	3.3	0.2	0.00
Nicaragua	58.7	4.2	0.00	Colombia	2.6	0.2	1.69
Netherlands Antilles, Curacao	56.8	4.1	0.00	Guyana	2.6	0.2	0.00
Uruguay	56.1	4.0	2.05	Italia	2.4	0.2	0.00
El Salvador	55.5	4.0	0.00	Austria	2.3	0.2	0.00
New Caledonia, FOC	49.1	3.5	0.00	Fiji	2.2	0.2	0.00
Palau	48.0	3.4	0.00	Viet Nam	2.1	0.2	0.00
Cook Island	46.9	3.4	0.00	Romania	1.8	0.1	0.00
Netherlands, Aruba	45.5	3.3	0.00	United Arab Emirates	1.7	0.1	0.00
Virgin Islands	43.3	3.1	0.00	China	1.6	0.1	0.00
Barbados	42.9	3.1	0.00	República Checa	1.4	0.1	0.00
Bolivia	41.5	3.0	0.00	Serbia	1.3	0.1	0.00
West Bank and Gaza Strip	40.0	2.9	0.00	Oman	1.3	0.1	0.00
Perú	32.5	2.3	0.00	Bulgaria	1.3	0.1	0.00
Tailandia	32.1	2.3	0.34	Hungary	1.1	0.1	0.00
Antigua and Barbuda	29.1	2.1	0.00	Egipto	1.0	0.1	0.00
Qatar	26.0	1.9	0.00	Macedonia	1.0	0.1	0.00
Surinam	25.1	1.8	0.00	Sri Lanka	0.9	0.1	0.00
Bahamas	23.2	1.7	0.00	Lituania	0.9	0.1	0.00
Bahréin	21.2	1.5	0.00	Mauritas	0.8	0.1	0.00
Guatemala	19.5	1.4	0.70	Laos	0.7	0.1	0.00
Philip pines	19.3	1.4	0.06	Polonia	0.6	0.0	0.00
Ireland	17.5	1.3	0.00	Turquia	0.6	0.0	0.00
Honduras	16.8	1.2	0.81	Morocco	0.5	0.0	0.00
España	16.6	1.2	0.13	Cambodia	0.5	0.0	0.00
Paraguay	15.2	1.1	0.94	Tunisia	0.5	0.0	0.00
Bermuda, UKOT	15.1	1.1	0.00	Latvia	0.4	0.0	0.00
Kuwait	15.0	1.1	0.00	Sur África	0.4	0.0	0.00
Montenegro	14.6	1.0	0.00	Kenya	0.4	0.0	0.00
French Polynesia, FOC	14.6	1.0	0.00	Yemen	0.4	0.0	0.00
Dominica	14.4	1.0	0.00	Iraq	0.4	0.0	0.00
Ecuador	14.3	1.0	0.00	Bosnia and Hezegovina	0.2	0.0	0.00
Japón	14.0	1.0	0.00	Croacia	0.2	0.0	0.00
Word	13.9	1.0	0.45	Nepal	0.2	0.0	0.00
Saint Martin, FOC	13.7	1.0	0.00	Papua New Guinea	0.2	0.0	0.00
Grecia	13.4	1.0	0.00	Libya	0.2	0.0	0.00
Luxemburgo	13.3	1.0	0.00	Algeria	0.1	0.0	0.00
Isle of Man,				Bangladesh	0.1	0.0	0.00
Crown Dependency	13.1	0.9	0.00	Cote d'Ivoire	0.1	0.0	0.00
Iceland	12.8	0.9	0.00	India	0.1	0.0	0.00
Dinamarca	12.1	0.9	0.00	Indonesia	0.1	0.0	0.00
Jamaica	11.7	0.8	0.00	Syria	0.1	0.0	0.00
Lebanon	11.7	0.8	0.00	Etiopia	0.0	0.0	0.00
Dominicana Republica	11.3	0.8	1.85	Uganda	0.0	0.0	0.00
Switzerland	10.1	0.7	0.00	Rusia	0.0	0.0	0.00
Estonia	9.8	0.7	0.00	Ucrania	0.0	0.0	0.00
Vanuatu	9.7	0.7	0.00	Myanmar	0.0	0.0	0.00
Sweden	9.1	0.7	0.00	Irán	0.0	0.0	0.00

INM: Índice Normalizado Mundial

por un millón de habitantes en el país para estudiar los casos por un millón de habitantes de la población mundial.

La ubicación geográfica de cada país fue tomado del programa público "Google Earth". Tomamos como el epicentro de la pandemia, la ubicación de latitud norte, la ciudad de México y 23.6345 grados de longitud oeste 102.552783 grados. La distancia desde la latitud donde se encuentra un país al norte del ecuador se restará de la ubicación del país afectado y el epicentro. La longitud de la distancia desde el epicentro se calcula sumando el lugar en que el país se encuentra en el este y restando el lugar en que el país se encuentra al oeste del epicentro de la pandemia. Con estos valores, las distancias se obtuvieron Norte/Sur, multiplicado por la distancia dividida Este/Oeste por 2.

Análisis estadístico

Para la prueba de normalidad de las estadísticas se han utilizado las pruebas de Shapiro Wilk que se informaron como datos no paramétricos $P > 0,05$. Las pruebas sobre la correlación se realizaron utilizando el método de Spearman entre las variables: 1) Casos por un millón de habitantes, 2) Índice global estándar, 3) La mortalidad, 4) la distancia Norte-Sur con respecto al epicentro, 5) área triangular de distancia al norte/sur/ de este a oeste, y 6) día en el que todos los países comenzaron a reportar la infección por la gripe A (H1N1). Los datos se recolectaron y se analizaron con el programa estadístico SPSS 17.0 para PC.

Resultados

Se obtuvieron datos de 135 países afectados. La prevalencia de la infección por un millón de habitantes se muestra en la Figura 1. La prevalencia mundial de la gripe A (H1N1) es de 13,9 casos por un millón de habitantes.

Los países más afectados hasta la fecha del informe de la OMS (Boletín 58) son Chile, Brunei Darussalam, Australia, Nueva Zelanda, Canadá, Singapur, Islas Caimán, Holanda, Chipre, Panamá, Reino Unido, New Jersey, Estados Unidos y México. Estos datos se presentan en la tabla 1.

Tabla 2
Correlación entre la Zona Geográfica y los casos de Influenza A (H1N1)

			Población	Día del primer reporte	Distancia Norte/Sur	Distancia Este/Oeste	Área de Distancia
Método de Spearman	Casos	R	.510**	-.796**	.057	-.142	-.081
		Sig. (2-series)	.000	.000	.511	.100	.351
		N	135	135	135	135	135
	Casos por millón de habitantes	R	-.444**	-.350**	.080	-.421**	-.197*
		Sig. (2-series)	.000	.000	.354	.000	.022
		N	135	135	135	135	135
	Índice Mundial Normalizado	R	-.444**	-.350**	.080	-.421**	-.197*
		Sig. (2-series)	.000	.000	.354	.000	.022
		N	135	135	135	135	135
	Muertes	R	.298**	-.443**	.135	-.262**	-.129
		Sig. (2-series)	.000	.000	.118	.002	.136
		N	135	135	135	135	135
	Mortalidad	R	.285**	-.432**	.124	-.276**	-.141
		Sig. (2-series)	.001	.000	.152	.001	.103
		N	135	135	135	135	135

**La Correlación es significativa al nivel 0.01 (2 - series).

*La Correlación es significativa al nivel 0.05 (2 - series).

R: Coeficiente de correlación de Persona

Discusión

Los datos muestran que existe una correlación negativa entre el número de casos y la distancia Oeste / Este, con respecto al epicentro de la enfermedad. Estos datos no se ha demostrado anteriormente lo importante es la distancia entre la transmisión de enfermedades virales como la gripe A (H1N1). La posición geográfica del Este / Oeste explica un 17% de la expansión de la pandemia ($r^2 = 0,17$) y no demuestra que existe una relación entre la expansión de la pandemia a través de las latitudes, muestra que existe una relación entre el altitud de cada país y el número de casos. El índice comprende una relación normalizada de 1 con el número de casos por un millón de habitantes y se puede interpretar como x veces el riesgo de exposición a la enfermedad cuando es superior a 1 y cuando es menor que 1 representa un país con bajo riesgo de infección, conmensurables con el riesgo relativo. El día en que cada país reportó su primer caso de gripe A (H1N1) está en correlación con la distancia del epicentro de la enfermedad. 24 de abril 2009 se tomó como el día 1.

La prevalencia mundial de la gripe A (H1N1) es de 13,9 casos por millón de habitantes. Los países más afectados de la mortalidad son: Argentina (2,41%), Uruguay (2,05%), República Dominicana (1,85%), Colombia (1,69%), México (1,16%), Costa Rica (1,08%), Paraguay (0,94%), Honduras (0,81%), Guatemala (0,70%), Estados Unidos de América (0,50%), Tailandia (0,34%), Canadá (0,31%), Nueva Zelanda (0,28%), Chile (0,19%), Australia (0,19%), Brasil (0,14%), España (0,13%), Filipinas (0,06%) y Reino Unido (0,04%).

Vale la pena mencionar que México y los Estados Unidos ya no son los países con el mayor número de infecciones por millón de habitantes.

La expansión de la epidemia no sólo depende de los factores geográficos como la distancia, en este mundo globalizado factores tales como la presencia de rutas confluyentes, es otro porcentaje que puede explicar la propagación de la enfermedad. Otro factor importante es la presencia del linaje de virus asociados de la zona geográfica donde fue identificado hace un mes [13]. Teniendo en cuenta tanto, la dependencia de la

distribución de los virus de la influenza porcina tipo A en la situación geográfica y la falta de pruebas en ciertas partes del mundo, no sería de extrañar que los antepasados de los virus de la gripe A (H1N1) hayan pasado desapercibidos durante casi dos décadas. Sólo mediante una vigilancia más precisos puede impedir que un evento similar ocurra en el futuro. La mortalidad se reduce si la infección está lejos del epicentro. Esta observación es importante y supone que la replicación del virus es menos mortal que la propagación la enfermedad.

Conclusión

En conclusión, existe una correlación negativa entre la distancia al este/oeste del epicentro de la infección con influenza A (H1N1) y el número de casos por millón de personas en cada país infectado y la mortalidad. La infección con influenza A (H1N1) se transmite por la longitud este/oeste y la ubicación geográfica explica la expansión del 17% de la pandemia.

Referencias bibliográficas

- Smith GJ, Vijaykrishna D, Bahl J, Lycett SJ, Worobey M, Pybus OG, Ma SK, Cheung CL, Raghvani J, Bhatt S, Peiris JS, Guan Y, Rambaut A. Origins and evolutionary genomics of the 2009 swine-origin H1N1 influenza A epidemic. *Nature*. 2009. Jun 11. [Epub ahead of print].
- While A. Swine flu: some good lessons learnt. *Br J Community Nurs*. 2009. Jun;14(6):270.
- Whitley DM, Bialasiewicz S, Bletchly C, Faux CE, Harrower B, Gould AR, Lambert SB, Nimmo GR, Nissen MD, Sloots TP. Detection of novel influenza A(H1N1) virus by real-time RT-PCR. *J Clin Virol*. 2009. Jun 6. [Epub ahead of print].
- Mahony JB, Hatchette T, Ojkic D, Drews SJ, Gubbay J, Low DE, Petric M, Tang P, Chong S, Luinstra K, Petrich A, Smieja M. Multiplex PCR tests sentinel the appearance of pandemic influenza viruses including H1N1 swine influenza. *J Clin Virol*. 2009. Jun 6. [Epub ahead of print].
- World Health Organization. Epidemic and Pandemic Alert and Response (EPR). Web WHO. Update 1 to 58. April-July 2009. Available at: www.who.int/csr/disease/swineflu/updates/en/index.html last accessed on: July 6, 2009.
- [No authors listed]. Human infection with new influenza A (H1N1) virus: Mexico, update, March-May 2009. *Wkly Epidemiol Rec*. 2009 Jun 5;84(23):213-9.
- Centers for Disease Control and Prevention (CDC). Update: novel influenza A (H1N1) virus infection - Mexico, March-May, 2009. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep*. 2009 Jun 5;58(21):585-9.
- Nishiura H, Castillo-Chavez C, Safan M, Chowell G. Transmission potential of the new influenza A(H1N1) virus and its age-specificity in Japan. *Euro Surveill*. 2009. Jun 4;14(22). pii: 19227.
- Health Protection Agency; Health Protection Scotland; National Public Health Service for Wales; HPA Northern Ireland Swine influenza investigation teams. Epidemiology of new influenza A (H1N1) virus infection, United Kingdom, April-June 2009. *Euro Surveill*. Jun 4;14(22). pii: 19232.
- Nava GM, Attene-Ramos MS, Ang JK, Escorcia M. Origins of the new influenza A(H1N1) virus: time to take action. *Euro Surveill*. 2009. Jun 4;14(22). pii: 19228.
- Vilella A, Trilla A. Influenza A (H1N1): A new e-pidemic. *Med Clin (Barc)*. 2009 May 30;132(20):783-4.
- New influenza A(H1N1) investigation teams. New influenza A(H1N1) virus infections in France, April - May 2009. *Euro Surveill*. May 28;14(21). pii: 19221.
- Trifonov V, Khiabani H, Rabadan R. Geographic Dependence, Surveillance, and Origins of the 2009 Influenza A (H1N1) Virus. *N Engl J Med*. 2009 May 27. [Epub ahead of print].