

- Madrid. 1990. p. 1–93. [consultado 26/2/2010]. Disponible en: <http://ranf.com/pdf/discursos/numero/cabezas.pdf>.
2. Perroncito E. Epizootia tifoide nei gallinacei. *Annali Accad Agri Torino.* 1878;21:87–126.
  3. Alexander DJ. Avian influenza: historical aspects. In: *Proceedings of the Second International Symposium on Avian Influenza, 1986.* University of Wisconsin, Madison, 1987. p. 4–13.
  4. Heinen, P. Swine Influenza: a zoonosis. *Veterinary Sciences Tomorrow-15 September 2003.* Heinen P. Swine influenza: a zoonosis. *Vet Sci Tomorrow* [serie online]. 2003. [consultado 26/2/2010]. Disponible en: <http://www.vetscite.org/publish/articles/000041/print.html>.
  5. Santos-López G, Reyes-Leyva J, Vallejo-Ruiz V. Los problemas de la nomenclatura de virus. *Enferm Infecc Microbiol Clin.* En prensa (DOI:10.1016/j.eimc.2009.10.007).
  6. Jiménez-Clavero MA. West Nile o Nilo Occidental. *Enferm Infecc Microbiol Clin.* 2009;27:308–12.
  7. Fujimura SF. La muerte púrpura: La gran gripe de 1918. *Revista de la Organización Panamericana de la Salud.* 2003; 8(3). [consultado 26/2/2010]. Disponible en: [http://www.paho.org/Spanish/DD/PIN/Numero18\\_article5.htm](http://www.paho.org/Spanish/DD/PIN/Numero18_article5.htm).
  8. Tenorio A, Lozano ME, Zeller H, Donoso-Manke O. Virus con denominación de origen: sin nombre, Nápoles, West Nile. *Enferm Infecc Microbiol Clin.* 2009;27:309–10.
  9. Cornelia Büchen-Osmond. Taxonomy and classification of viruses. En: Murray PR, Baron EJ, Jorgenson JH, Pfaller MA, Tenover FC, Tenover FC, editores. *Manual of clinical microbiology*, 8th edition. ASM Press; 2003.
  10. Van Regenmortel MH. Virus species and virus identification: past and current controversies. *Infect Genet Evol.* 2007;7:133–44.

Miguel Ángel Jiménez-Clavero

Centro de Investigación en Sanidad Animal (CISA), Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA), Valdeolmos, Madrid, España  
Correo electrónico: majimenez@inia.es

Véase contenido relacionado en DOI: 10.1016/j.eimc.2009.10.007

doi:10.1016/j.eimc.2010.06.001

## Respuesta de los autores

### Author's reply

Sr. Editor:

En relación a la polémica suscitada sobre la correcta terminología que debemos usar en español para referirnos a ciertos virus, especialmente cuando estos se denominan con un topónimo como es el caso del virus del Nilo Occidental y que ya fue debatida aquí<sup>1,2</sup>, recientemente se ha publicado un artículo de opinión en este número<sup>3</sup> comentando la problemática que supone la correcta nomenclatura de los virus y su clasificación.

El primer aspecto abordado en el artículo referido<sup>3</sup> es la denominación en español, virus de la gripe o de la influenza, que se da a virus como el causante de la pandemia de gripe decretada el año pasado por la Organización Mundial de la Salud (OMS)<sup>4</sup>. Según la Real Academia Española de la Lengua ambos términos son correctos y, por tanto, no hay razón alguna para favorecer el uso de uno u otro, más allá de las peculiaridades propias del idioma en cada región o país.

A continuación se expone<sup>3</sup> la polémica suscitada con la denominación en lenguaje coloquial del virus causante de la pandemia. Ya desde los albores de la virología los virus se denominaban frecuentemente con un topónimo, alguna circunstancia relativa a la especie afectada o a los signos externos que originaba (por ejemplo, virus de la enfermedad de Newcastle, de la peste equina, o de la tristeza del naranjo). Esta práctica ha ocasionado más de un inconveniente como, por ejemplo, el que surgió con el virus Sin Nombre, cuya denominación original fue rechazada por los habitantes de la zona afectada debido a las connotaciones negativas que podía acarrear sobre la imagen y economía de la región<sup>1</sup>. Un caso similar es el que se ha planteado con el virus causante de la reciente pandemia de gripe, cuyos nombres vernáculos fueron inicialmente difundidos por los medios de comunicación con poca base científica y sin tener en cuenta que ciertos colectivos (étnicos, nacionales, sectoriales, etc.) podían sentirse perjudicados. Así, dado que el virus parecía tener su origen en una recombinación genómica producida en cerdos, inicialmente se le denominó virus «de la gripe porcina». El término no era excesivamente acertado, puesto que no se habían detectado casos en cerdos y el virus tenía material genético de

origen porcino, aviar y humano, y fue tajantemente rechazado por el sector de la producción porcina ante las repercusiones económicas que podría acarrearle. Las sucesivas denominaciones empleadas por los medios de comunicación, virus «de la gripe mexicana» o «de la gripe norteamericana», fueron también taxativamente rechazadas por los gobiernos respectivos. A pesar de ello, la controversia continuó durante varias semanas hasta que, finalmente, pasó a denominarse coloquialmente como virus «de la nueva gripe» o virus «de la gripe A».

El adjetivo «nuevo» aplicado a los virus en general, y a los de la gripe en particular, no es muy acertado. Si bien el virus era «nuevo», dado que la específica combinación de sus genes no se había detectado anteriormente, no pasará mucho tiempo hasta que aparezca un nuevo virus de la gripe. Por otro lado, la denominación de virus «de la gripe A», aún siendo poco informativa, tiene la ventaja de ser corta y sencilla para que el ciudadano la asocie al virus causante de la reciente pandemia, que, a fin de cuentas, fue causada por un virus de la gripe de tipo A.

El 1 de mayo de 2009 la OMS estableció que la denominación del patógeno era «virus de la gripe A H1N1»<sup>4</sup>, sin embargo la ciudadanía no la ha incorporado a su lenguaje habitual, probablemente por la tendencia de la sociedad a acortar y simplificar los nombres. Es más, esta denominación tampoco es demasiado específica ni informativa. Una simple búsqueda de secuencias genómicas con la entrada «virus de la gripe A H1N1» en servidores de acceso público produce más de 28.000 resultados. Es más, como se indica en el artículo referido<sup>3</sup>, el tristemente famoso virus de la gripe del 19, o de la gripe española (de nuevo un nombre no muy acertado), que causó más de 40 millones de muertos, fue también un virus de la gripe A H1N1. Además, esta denominación aporta escasas novedades con respecto a algunos de los denominados virus «estacionales» que han estado circulando en los últimos años (A H1N1, A H3N2 y A H1N2). De hecho, hay fundadas esperanzas de que el virus causante de la pandemia del año pasado pase a ser un virus «estacional» en los próximos años<sup>5</sup>. Por otro lado, la denominación propuesta<sup>3</sup>, virus de la influenza. Con fecha 11 de Agosto de este año la OMS<sup>4</sup> ha declarado oficialmente el fin de la pandemia. A H1N1/pandemia 2009, se basa en criterios establecidos que siguen pautas específicas

<sup>5</sup> Con fecha 11 de Agosto de este año la OMS<sup>4</sup> ha declarado oficialmente el fin de la pandemia.

(especie; organismo del que se aisló, excepto cuando es humano, que se omite; lugar de recogida de la muestra; número interno de control; año, y subtipo). Así pues la denominación propuesta incluye los suficientes datos como para identificarlo claramente y elude el posible origen animal del mismo y la localización geográfica del primer aislamiento, evitando así herir sensibilidades de ciertos colectivos.

Toda esta exposición nos conduce a una cuestión más general de la virología: la necesidad de acordar un sistema taxonómico homogéneo para los virus, la cual lleva debatiéndose muchos años. Inicialmente, y tras la descripción del primer virus, el del mosaico del tabaco, su clasificación se realizaba en función a lo que hacían: encefalitis, gastroenteritis, bacteriófagos, etc. El posterior desarrollo de la virología y de otras disciplinas (microscopía, biología molecular, bioinformática, etc.) ha permitido agrupar los virus según algunas de sus características físico-químicas: material genético (ARN o ADN), forma, estructura, etc. Aún así, y a pesar de los esfuerzos del comité internacional de taxonomía de virus, (ICTV)<sup>5</sup>, para consensuar una nomenclatura y taxonomía víricas, aun se está lejos de lograrlo, tal y como se ha expuesto en diversos foros internacionales<sup>9,10</sup> y modestamente se aborda aquí. Así, la nomenclatura propuesta por la ICTV<sup>5</sup>: nombre del virus seguido, entre paréntesis, por la familia, el género y la especie a la que pertenece, por ejemplo, virus del Nilo Occidental (familia *Flaviviridae*, género *Flavivirus*, especie *virus del Nilo Occidental*) ha sido criticada<sup>7</sup> por no seguir las pautas aplicadas a otros organismos desde que Lineo propuso su sistema combinado. El aspecto más controvertido de esta polémica<sup>5-10</sup> se centra en la inclusión del concepto de especie, puesto que los criterios utilizados para adscribir un patógeno a una especie son menos rigurosos y más convencionales que los que se usan para adscribirlos a una familia. El quid de la cuestión radica en cómo de diferentes tienen que ser dos virus para considerarlos pertenecientes a especies distintas y no miembros de una misma especie. En este sentido, además, los virólogos, como el resto de colectivos, también tenemos nuestra componente hedonista y con frecuencia nos cuesta reprimirnos a la hora de describir «nuevos» genotipos, serotipos y, no digamos ya, especies. En cualquier caso, este debate es común a otras disciplinas de la biología, habiéndose utilizado hasta la fecha más de 20 conceptos diferentes para definir la especie<sup>8</sup>. En 1991 la ICTV<sup>5</sup> definió la especie vírica como: «una clase policatagórica

de virus que constituyen un linaje replicativo y ocupa un nicho ecológico particular», definición que parece lo suficientemente flexible como para acomodar a los virus en ella y lo suficientemente ambigua como para dejar la puerta abierta para que continúe la polémica.

Llegados a este punto, la conveniencia de llegar a un consenso en la nomenclatura y taxonomía de los virus parece clara y en ello debemos esforzarnos los virólogos. Aún así, aquí no acaban nuestros cuantos, aún nos queda por resolver una cuestión más polémica si cabe, nuestro particular «nudo gordiano»: ¿son los virus seres vivos o no?, pero creo que este aspecto mejor lo tratamos en otro momento y dejamos que el debate continúe abierto.

## Bibliografía

1. Tenorio A, Lozano ME, Zeller H, Donoso-Manke O. Virus con denominación de origen: sin nombre, Nápoles, West Nile. *Enferm Infecc Microbiol Clin.* 2009;27(5):309-10.
2. Saiz JC. Virus con denominación de origen en español: el virus del Nilo Occidental. *Enferm Infecc Microbiol Clin.* 2009;27(5):310-2.
3. Santos-López G, Reyes-Leyva J, Vallejo-Ruiz V. Los problemas de la nomenclatura de virus. *Enferm Infecc Microbiol Clin* 2010. DOI:10.1016/j.eimc.2009.10.007.
4. [consultado 8/3/2010]. Disponible en: <http://www.who.int>.
5. [consultado 8/3/2010]. Disponible en: <http://www.ictvonline.org>.
6. Van Regenmortel MHV, Mahy BWJ. Emerging issues in virus taxonomy. *Emerg Infect Dis.* 2004;10(1):8-13.
7. Eberhard ML. Virus taxonomy: one step forward, two steps back. *Emerg Infect Dis.* 2004;10(1):153-4.
8. Mayden RL. A hierarchy of species concepts: the denouement in the saga of the species problem. En: Claridge MF, Dawah HA, Wilson MR, editores. *Species, the units of biodiversity.* Londres: Chapman y Hall; 1997. p. 381-424.
9. Gibbs A. Virus nomenclature descending into chaos. *Arch Virol.* 2000;145:1505-7.
10. Drebot MA, Henchal E, Hjelle B, LeDuc JW, Repik PM, Roehrig JT, et al. Improved clarity of meaning from the use of both formal species names and common (vernacular) virus names in virological literature. *Arch Virol.* 2002;147:2465-71.

Juan Carlos Saiz

Laboratorio de Zoonosis y Virología Medioambiental, Departamento de Biotecnología, Instituto Nacional de Investigación Agraria y Alimentaria (I.N.I.A.), Madrid, España  
Correo electrónico: [jcsaiz@inia.es](mailto:jcsaiz@inia.es)

Véase contenido relacionado en DOI: 10.1016/j.eimc.2009.10.007

doi:10.1016/j.eimc.2010.06.002

## Monitorización ambulatoria de la presión arterial en el paciente VIH

### Outpatient blood pressure monitoring of the HIV patient

Sr. Editor:

En la excelente revisión publicada recientemente sobre la HTA en el paciente VIH<sup>1</sup>, se apuntan interrogantes abiertos sobre los que queremos aportar nuestra experiencia. El correcto diagnóstico, probablemente el origen en algunos casos de las discrepancias en la prevalencia recogidas en la literatura, es la clave para abordar el problema con precisión. No siempre es fácil en la práctica clínica habitual conseguir las condiciones ideales de medida de la PA tal y como se describe en el artículo; evitar estrés físico y psíquico previo, habitación tranquila, 5 min de reposo, mantenerse sin hablar etc.

En nuestra consulta donde en el año 2009 se vieron 178 pacientes con infección por VIH, hemos introducido por su utilidad<sup>2,3</sup> los dispositivos de Monitorización Ambulatoria de la PA (MAPA) en el control del riesgo cardiovascular del paciente VIH<sup>4</sup>. Los enfermos bien controlados son incluidos en una estimación del riesgo vascular, donde si no se conoce previamente su PA, se mide en la consulta dejando al paciente en reposo, en una sala anexa y repitiendo la medición en 2 ocasiones. A aquellos en los que la PA se encuentra elevada se les coloca el mismo día un dispositivo de MAPA, del que disponemos en la misma consulta.

De los 29 pacientes a los que en esas condiciones se les ha colocado un MAPA por HTA detectada en la consulta, solo se ha confirmado el diagnóstico de HTA mediante los criterios específicos en 12 (41%), considerándose el resto como casos de hipertensión de bata blanca, donde los registros de MAPA