



## Polimorfismos en el gen *pe\_pgrs18* en cepas de *Mycobacterium tuberculosis* aisladas en Michoacán y Querétaro y su asociación con el genotipo y datos clínicos.

Eva Nelida Jiménez Ruiz<sup>1,3</sup>, Ana Laura Guillén Nepita<sup>1,3</sup>, Erandi Frutos Hernández<sup>1,2</sup>, Andrea Monserrat Negrete Paz<sup>1,3</sup>, Vázquez Marrufo Gerardo<sup>2,3</sup> y Vázquez Garcidueñas Ma. Soledad<sup>1,3</sup>

Eje1: Investigación Básica.

Mesa 5: Ciencias Médicas, Biomedicina y Salud

**Palabras clave:** (Virulencia, polimorfismo, genotipo)

Algunos de los genes *pe/ppe* de *Mycobacterium tuberculosis* codifican para proteínas asociadas con la virulencia y la modulación de la respuesta inmune del huésped. Estos genes son altamente polimórficos y dichos polimorfismos se han relacionado con variaciones en las propiedades fisicoquímicas de las proteínas para las cuales codifican y con la patogenicidad de las cepas que los presentan. Nuestro grupo de trabajo cuenta con cepas de *M. tuberculosis* aisladas del 2009 al 2015 de pacientes de Michoacán y Querétaro. Estas cepas se identificaron a nivel de especie, linaje, familia y genotipo. Se sabe también que más del 50% de las cepas aisladas del 2009 al 2011, presentan polimorfismos en el gen *pe\_pgrs18*, y que ciertos polimorfismos se relacionan con el origen clínico de éstas. En este trabajo se buscó si esta asociación se mantiene en cepas aisladas en el 2015 y si es el mismo que presentan las cepas provenientes de Querétaro, con quien se tiene intercambio poblacional, a fin de entender mejor las características genéticas que se encuentran detrás de un fenotipo observado. También se analizó el efecto de los polimorfismos en la proteína codificada por dicho gen. Se amplificó y secuenció un fragmento del gen *pe\_pgrs18* y se comparó por BLAST en el GenBank. Los polimorfismos se detectaron mediante un alineamiento múltiple con ClustalX y Mega 6. El programa PROVEAN permitió predecir que seis de las cepas presentaron polimorfismos perjudiciales para la proteína codificada por el gen analizado, de las cuales 4 son de Michoacán y 2 de Querétaro. Las cepas de Michoacán presentaron 429 SNPs, 18 inserciones y 27 deleciones y las de Querétaro presentaron 395 SNPs, 13 Inserciones y 17 deleciones. Se encontró asociación entre los polimorfismos y algunos datos clínicos de las cepas y los genotipos; Haarlem, Uganda, EAI, S, LAM, Bovis y No determinado.

<sup>1</sup> Facultad de Ciencias Médicas y Biológicas "Dr. Ignacio Chávez"

<sup>2</sup> Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo  
marisolvaz@yahoo.com