



## **ANALISIS in silico PARA LA PREDICCIÓN DE EFECTOS FUNCIONALES DE POLIMORFISMOS EN LOS GENES *pcaA*, *mmaA4* Y *kasB* DE CEPAS MENÍNGEAS DE *M. tuberculosis***

Andrea Monserrat Negrete Paz<sup>1</sup>, Ana Laura Guillén Nepita<sup>2</sup>, Gerardo Vázquez Marrufo<sup>3</sup> y Ma. Soledad Vázquez Garcidueñas<sup>4</sup>

1 División de Estudios de Posgrado, Facultad de C. Médicas y Biológicas, UMSNH, 2 División de Estudios de Posgrado, Facultad de Ingeniería, Universidad Autónoma de Queretáro, 3 CMEB, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, UMSNH, 4 División de Estudios de Posgrado, Facultad de Ciencias Médicas y Biológicas "Dr. Ignacio Chávez", UMSNH. [anegrete.pz@gmail.com](mailto:anegrete.pz@gmail.com)

La tuberculosis es una de las principales causas de mortalidad a nivel mundial. Si bien el contagio de la tuberculosis se lleva a cabo por vía respiratoria, el bacilo puede diseminarse vía hemato-linfática hacia otro órgano, generando tuberculosis extrapulmonar. Esta capacidad de diseminación puede tomarse en cuenta como indicador de virulencia de una cepa particular. En la ruta de síntesis de ácidos micólicos se ha reportado que los genes *kasB*, *pcaA* y *mmaA4* tienen una relación con la virulencia de *M. tuberculosis*. El presente estudio, pretende determinar los polimorfismos en la secuencia de dichos genes que puedan ser utilizadas como marcadores de virulencia. A partir de 5 genomas de cepas causantes de tuberculosis meníngea, aisladas en Michoacán, se extrajeron las secuencias de los genes de interés utilizando *Galaxy*. Éstas, junto con las secuencias homólogas de cepas pulmonares disponibles en *GenBank*, fueron sometidas a alineamiento múltiple utilizando CLUSTALX v2.1 y MEGA 7.0. Del análisis de los datos obtenidos, para el gen *pcaA* se encontraron 6 SNP's de éstos 5 son sustituciones no sinónimas (NS); para *mmaA4* se encontraron 90 SNP's. De los cuales 70 son NS y uno de ellos codifica un codón de paro. Para predecir el efecto de dichas alteraciones, se utilizaron los servidores SIFT y DUET, los cuales sugieren que el 91.89 % de los cambios modificará la estabilidad y función de la proteína codificada por *mmaA4*.