



## ESPECIES DEL COMPLEJO *Mycobacterium tuberculosis* AISLADAS DE CASOS CLÍNICOS EN LOS ESTADOS DE MICHOACÁN Y QUERÉTARO

Mar del Rosario Vázquez Heredia<sup>1</sup>, Gerardo Vázquez Marrufo<sup>1</sup>, Feliciano Milián Suazo<sup>2</sup>, Sergio Arellano Calderón<sup>3</sup>, Christian Josué Serrato Morales<sup>3</sup> y Ma. Soledad Vázquez Garcidueñas<sup>4</sup>

1 Centro Multidisciplinario de Estudios en Biotecnología, 2 Facultad de Ciencias Naturales, 3 Laboratorio Estatal de Salud Pública de Michoacán, 4 División de Estudios de Posgrado de la Facultad de Ciencias Médicas y Biológicas "Dr. Ignacio Chávez". marvazquezh@hotmail.com

La tuberculosis (TB) humana es una enfermedad de relevancia mundial, en 2015 se registraron 1.4 millones de muertes y 10.4 millones de casos nuevos. La TB es ocasionada por bacterias del complejo *Mycobacterium tuberculosis* (MtbC) que incluye los patógenos del humano *M. tuberculosis* y *M. africanum*, y a las especies *M. canettii*, *M. bovis*, *M. caprae*, *M. microti* y *M. pinnipedi*, causantes de tuberculosis en animales, que pueden ser transmitidas al humano (TB zoonótica). En Michoacán se ha encontrado en muestras clínicas a *M. tuberculosis*, al genotipo RD<sup>Río</sup> y micobacterias no tuberculosas (Mnt). En Querétaro se ha registrado la presencia de *M. tuberculosis* y *M. bovis*. El flujo de especies/genotipos de cepas del MtbC puede ocurrir entre entidades vecinas y pasar inadvertido, evidenciarlo permite establecer cadenas de dispersión y diseñar estrategias de prevención. Una técnica genético-molecular que permite identificar la especie dentro del MtbC es el panel de tipificación (PT) que se realiza por la detección por PCR de 8 *loci*; por otra parte para una clasificación más específica en genotipos se utiliza la técnica de MIRU-VNTR, que se basa en la amplificación por PCR de 15 *loci* en los que se analiza el número de repetidos de una secuencia específica, obteniendo así un código numérico. Para determinar si hay cambios en las especies/genotipos que están causando tuberculosis en Michoacán y Querétaro, empleando el PT y MIRU-VNTR se determinó la especie/genotipo del MtbC de aislados clínicos de dichos estados obtenidos durante 2015. En Michoacán se encontraron las especies anteriormente reportadas. En Querétaro se encontró nuevamente a *M. bovis* y se reportó por primera vez la presencia de Mnt. En ambas entidades se encontraron como genotipos predominantes a Haarlem y S, así como diferencias en los genotipos minoritarios.