



ANÁLISIS FILOGENÉTICO ENTRE LOS GENES DE RESISTENCIA TET EN BACTERIAS PRESENTES EN LA MICROBIOTA HUMANA

Cuahtémoc Solano Pérez¹, Candelario Rodríguez Pérez¹, Ana del Carmen Jiménez López¹, Ana Cristina Esteban García¹, Isamar López López¹ y María Mayanin García Hernández¹

¹ Universidad Juárez Autónoma de Tabasco. cuahtemocsolano95@gmail.com

Los estafilococos coagulasa-negativos (CoNS), en particular *Staphylococcus epidermidis*, son una parte prominente de la microbiota normal de la piel humana y las membranas mucosas. *S. epidermidis* se encuentra entre los principales agentes causantes de infecciones nosocomiales; además de la presencia de potenciales factores de virulencia, los aislados de *S. epidermidis* de los entornos hospitalarios son frecuentemente multirresistentes a los antimicrobianos que dificultan su tratamiento. Las relaciones filogenéticas entre distintos genes tet son analizadas de acuerdo a sus secuencias nucleotídicas recuperadas de NCBI. Se estudiaron 8 diferentes genes tet, empleando como grupo de estudio el gen tet de *Staphylococcus epidermidis* y como grupo externo al gen tet A de *Escherichia coli*. Con el resultado de este análisis se obtuvieron dos topologías de relaciones entre los genes tet. Este trabajo permitió ubicar el gen tet de *Staphylococcus epidermidis* agrupado monofileticamente con tet L de *Staphylococcus aureus*. Debido a la alta variedad de estos genes, resulta importante elucidar las distancias filogenéticas entre los mismos, para encontrar metodologías que ayuden a sintetizar fármacos que tengan un amplio espectro de acción contra una gran cantidad de genes tet.