



EFFECTO DE POLIMORFISMOS EN EL GEN PE_PGRS18, SOBRE LA FUNCIÓN DE LA PROTEÍNA CODIFICADA, EN CEPAS DE MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS.

Eva Nelida Jimenez Ruiz¹, Ana Laura Guillén Nepita², Erandi Frutos Hernández², Andrea Monserrat Negrete Paz², Gerardo Vázquez Marrufo³ y Ma. Soledad Vázquez Garcidueñas⁴

1 facultad de quimico farmacobiologia, 2 Facultad de Ciencias Medicas y Biologicas "Dr. Ignacio Chávez", 3 Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia de la UMSNH, 4 Facultad de Ciencias Medicas y Biologicas "Dr Ignacio Chávez". eva.con@hotmail.com

Mycobacterium tuberculosis se clasifica en 6 linajes que se subdividen en familias y genotipos con características fenotípicas particulares, que influyen en su virulencia y transmisibilidad. Algunos de los genes *pe/ppe* de *M. 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. En este trabajo se detectaron los polimorfismos en el gen *pe_pgrs18* de 59 cepas de *M. tuberculosis* de las cuales 40 fueron aisladas en Michoacán durante 2009-2014 y 19 de Querétaro durante 2015. Para las cepas de Michoacán se determinó si existía una relación entre dichos polimorfismos con el genotipo y los datos epidemiológicos. De todas las cepas, 26 presentaron variaciones en las regiones conservadas del gen, de las cuales 16 son de Michoacán con 77 SNPs, 1 inserción y 11 deleciones y 10 de Querétaro, con 224 SNPs, 2 inserciones y 14 deleciones. Las cepas más polimórficas fueron MYC 106 y MYC 107 de Querétaro y la cepa MYC 066 de Michoacán. El programa PROVEAN predijo que seis de las cepas poseen polimorfismos perjudiciales para la proteína, de las cuales 4 son de Michoacán y 2 de Querétaro. Se observó el polimorfismo 12/40 en 27 de las cepas de estudio, consistente en una inserción de 12 nucleótidos en la posición 354 a la 365 y 40 SNPs entre la posición 352 a la 579. Cuatro cepas de Michoacán de las familias X, LAM y EAI presentaron asociación con un grupo de SNPs.