



ASOCIACIÓN ENTRE POLIMORFISMOS EN LOS GENES DE VIRULENCIA *pe/ppe* Y LA FAMILIA DE CEPAS DE *Mycobacterium tuberculosis* AISLADAS DE PACIENTES MICHOACANOS

Erandi Frutos Hernández¹, Ana Laura Guillén Nepita¹, Gerardo Vázquez Marrufo¹, Christian Josué Serrato Morales², Wendy Vianey Padilla Cabrera² y Ma. Soledad Vázquez Garcidueñas¹

1 Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, 2 Laboratorio Estatal de Salud Pública de Michoacán.
qfb.erandi.fh07@gmail.com

El genoma de *Mycobacterium tuberculosis* contiene los genes *pe/ppe*, algunos codifican proteínas que participan en la virulencia y modulación de la respuesta inmune del huésped. Estos genes son polimórficos y dichos polimorfismos se han asociado con variaciones en las propiedades fisicoquímicas de proteínas que codifican y con la patogenicidad de cepas que los presentan. *M. tuberculosis* se clasifica en linajes, familias y genotipos, pero no es clara la relación entre esta clasificación y la presencia de determinados polimorfismos en genes *pe/ppe*. Con el objetivo de encontrar posibles relaciones en ese sentido, se analizaron 59 cepas de *M. tuberculosis* de linaje y familia conocidos, que fueron aisladas de pacientes de Michoacán con tuberculosis pulmonar y extrapulmonar. Se amplificaron y secuenciaron los genes *pe_pgrs18*, *pe_pgrs26*, *pe3* y *ppe44*, para búsqueda de polimorfismos. Algunos de los polimorfismos encontrados son de nueva descripción. El gen *pe_pgrs18* presentó polimorfismos en más del 50% de las cepas. El SNP 581 del gen *ppe44* reportado como propio de la familia Beijing, se encontró en otras familias de nuestras cepas. Se encontraron las siguientes asociaciones estadísticamente significativas; entre los SNPs en las posiciones 54-266 del gen *pe_pgrs18* y las familias T, LAM y SNR del linaje Euro-Americano; EAI del linaje Indo-Oceánico y Beijing del linaje Este de Asia. Entre los SNPs e inserciones en las posiciones 295-510 del mismo gen pero de las familias Haarlem, X y SNR de linaje Euro-Americano; SNR del linaje Indo-Oceánico y Ghana del linaje Oeste de África. Entre el SNP 707 del gen *pe_pgrs26* y las cepas de las familias T, EAI y Beijing. Entre el SNP 581 del gen *ppe44* y las familias T, EAI y Beijing. Los resultados sugieren relaciones entre la familia de una cepa y la presencia de ciertos polimorfismos en los genes analizados.