



ANÁLISIS IN SILICO DEL EFECTO DE LAS VARIACIONES EN LA SECUENCIA DEL GEN *rpoB* DE MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS

JOSÉ RUBÉN SOTO ARMAS¹, María Soledad Vázquez Garcidueñas¹, Ana Laura Guillén Nepita¹, Andrea Monserrat Negrete Paz¹ y Gerardo Vázquez Marrufo¹

¹ Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo. 116armas@gmail.com

Uno de los principales problemas de la tuberculosis es la aparición de cepas Multidrogorresistentes y Extremadamente Resistentes a los fármacos antituberculosos como la rifampicina. La eficacia de la rifampicina ha cambiado en regiones donde la resistencia es alta, por lo que la rápida detección de resistencia es importante, ya que un 90% de cepas resistentes a rifampicina también lo es a isoniazida y es un posible marcador para la TB-MDR. La resistencia a rifampicina ha sido atribuida a mutaciones en una región de 81pb del gen *rpoB*. Por lo menos el 96% de los aislados resistentes a rifampicina tienen mutaciones en este gen. En este trabajo se determinó la frecuencia de mutación en dicho gen en aislados de Michoacán y Querétaro, entre los que hay gran intercambio poblacional. Se analizaron 16 cepas de Querétaro aisladas en 2015 y 21 cepas de Michoacán aisladas en 2014-2015. Las mutaciones del gen *rpoB* se detectaron mediante amplificación por PCR, secuenciación y alineamiento con el programa Mega 7.0.1. Presentaron variaciones el 19.04% (4/21) de las cepas de Michoacán y un 18.75% (3/16) de las de Querétaro. El polimorfismo más común fue Ser531Leu presentándose en Michoacán en un 75%. Solo el polimorfismo Asn519His se presentó en ambos estados, lo que nos habla de un posible intercambio. Ninguno de los polimorfismos encontrados en las cepas de Querétaro ha sido reportado anteriormente en la literatura. Con los servidores *SIFT* y *DUET* se predijo que el 100% de las mutaciones encontradas en este trabajo afectan a la proteína codificada por el gen *rpoB* y pueden estar relacionadas con resistencia a rifampicina.