



ESTANDARIZACIÓN Y VALIDACIÓN DE UNA PCR MULTIPLEX PARA LA DIFERENCIACIÓN DE *M. tuberculosis* y *M. bovis* EN MUESTRAS DE ESPUTO

SUSANA FLORES VILLALVA¹, ELBA RODRIGUEZ HERNANDEZ¹, ANA MARIA ANAYA ESCALERA¹, CLAUDIA PEREA², FELICIANO MILIAN SUAZO² y GERMINAL CANTO ALARCON²

1 Centro Nacional de Investigación Disciplinaria en Fisiología y Mejoramiento Animal CENIDF y MA-INIFAP, 2 Universidad Autónoma de Querétaro. flores.susana@inifap.gob.mx

La tuberculosis es una enfermedad infecciosa de curso crónico que afecta principalmente al sistema respiratorio aunque puede diseminarse a otros órganos. Esta enfermedad es causada por bacterias del complejo *M. tuberculosis*, del cual forman parte *M. tuberculosis* y *M. bovis*, se caracterizan por tener el 99.9% de identidad a nivel de nucleótidos y una secuencia idéntica de RNAr 16S. *M. tuberculosis* es el principal agente causante de tuberculosis en humanos; sin embargo, *M. bovis*, el agente causal de tuberculosis bovina es responsable del 10 al 15% de casos de tuberculosis en humanos. La identificación de la especie de micobacteria causante de tuberculosis es de vital importancia en la salud pública, epidemiología y tratamiento de la enfermedad ya que *M. bovis* es resistente a uno de los antibióticos de primera línea, la pirazinamida. El diagnóstico de la infección se realiza a través de la baciloscopia seguido del cultivo bacteriano; pero, este último puede tomar hasta 4 semanas. Es por eso que en los últimos años se han desarrollado métodos moleculares basados en la identificación de secuencias específicas de *M. tuberculosis* con el objetivo de aumentar la precisión y obtener resultados en un tiempo mucho menor. No obstante estos métodos no permiten la identificación a nivel de especie de las bacterias del complejo *M. tuberculosis*. Por lo que el objetivo de este estudio fue desarrollar un método de PCR que permita la identificación y diferenciación de *M. tuberculosis* y *M. bovis* en muestras de esputo. Este método consiste en la amplificación del gen *rpoB* para la identificación de *Mycobacterium* spp. Así como la amplificación de un fragmento de 150 pb de la región de diferenciación 8 (RD8) presente en *M. tuberculosis*, y un fragmento de 360 pb de la región RD8 ausente en *M. bovis*.