



28-07-2021 Discusión del artículo “identificación molecular de especies de *Mycobacterium* aisladas de pacientes con diagnóstico clínico de tuberculosis”

Sesión 183

Autor: Paula Eponine Chávez Nachón* 

Estudiante de la Lic. en Biología de la Universidad de las Américas Puebla, Puebla, México. *paula.chaveznn@udlap.mx

DOI: <http://doi.org/10.5281/zenodo.5144111>

Editado por: Jesús Muñoz-Rojas (Instituto de Ciencias BUAP)

RESUMEN

La tuberculosis (TB) es un padecimiento infeccioso y transmisible que afecta a una tercera parte de la población mundial. Es causada por un bacilo Gram-positivo de lento crecimiento perteneciente al género *Mycobacterium* y se le llama “complejo *Mycobacterium tuberculosis*” (CMTB) [1].

Es común que se utilicen una variedad de genes (16S rRNA y *rpoB*) como marcadores para la identificación de un probable caso de TB. Mientras que la secuencia IS6110 sólo es detectable en genomas del CMTB y tiene la estabilidad necesaria para ser utilizada como herramienta de diagnóstico.

El objetivo del trabajo de García-Cortés *et al.*, [2] fue realizar un estudio retrospectivo en donde se evalúen a los genes *rpoB*, 16S rRNA y la IS6110,

y su utilidad en la identificación de aislados del género *Mycobacterium* y del CMTB.

Se analizaron un total de 146 muestras clínicas y empleando una técnica PCR, se amplificaron fragmentos de los genes *rpoB*, 16S rRNA y IS6110. La especie *M. bovis* fue identificada mediante un ensayo de PCR Multiplex. En 44.5% de las muestras se pudo confirmar la presencia de aislados del género *Mycobacterium*, mientras que en el 55.5% restante no se obtuvieron amplificadas. Los resultados se compararon con lo reportado en el GenBank usando la herramienta BLAST (Basic Local Alignment Search Tool), y se notó una similitud de secuencia nucleotídica de 98-100% con especies de micobacterias pertenecientes al CMTB.

El diagnóstico rápido y preciso del TB es de suma importancia en la administración del tratamiento adecuado a cada paciente. En el estudio se consideran otros factores que pudieron haber afectado el crecimiento bacteriano en el medio de cultivo, como se trata de la exposición a antifímicos en 22 pacientes incluidos, quienes habían finalizado su tratamiento entre 7 a 30 días antes de la obtención de la muestra.

A partir de esto, sabemos que los marcadores moleculares pueden ser empleados para obtener un diagnóstico confiable de TB en periodos cortos, superando en estas características a los métodos convencionales de microscopía y cultivo. Así el diagnóstico oportuno podrá evitar una alta tasa de muerte en la población infectada [3].

Palabras clave: tuberculosis; *Mycobacterium*; 16S rRNA; *rpoB*; IS6110.

<https://sites.google.com/view/apcmac/2021-conferencias-conferences/28-07-2021-pecn>

REFERENCIAS

[1]. Báez-Saldaña, R., Pérez-Padilla, J. R., & Salazar-Lezama, M. A. (2003). Discrepancias entre los datos ofrecidos por la Secretaría de Salud y la Organización Mundial de la Salud sobre tuberculosis en México, 1981-1998. salud pública de México, 45(2), 78-83.

[2]. García-Cortés, C., Martínez-Cruz, P. M., Bernabé Pérez, E. A., Muñoz-Rojas, J., & Martínez-Martínez, L. (2021). Identificación molecular de especies de *Mycobacterium* aisladas de pacientes con diagnóstico clínico de tuberculosis. *Alianzas y Tendencias BUAP*, 6(21), 12-27.

[3]. Meza-Palmeros, J. A., Sánchez-Pérez, H. J., Freyermuth-Enciso, G., & Sánchez-Ramírez, G. (2013). El gradiente socioeconómico de la mortalidad por tuberculosis en México (2004-2008). *Población y salud en Mesoamérica*.