

**CARACTERIZACION DE LA DIVERSIDAD GENETICA DE CEPAS DEL COMPLEJO
Mycobacterium tuberculosis EN LA REGION METROPOLITANA- CHILE.**

**PAULINA ELIZABETH MEZA ARCOS
MAGISTER EN CIENCIAS BIOMÉDICAS, MENCIÓN MICROBIOLOGÍA CLÍNICA.**

RESUMEN

La tuberculosis es una enfermedad infecto-contagiosa re-emergente en el mundo, con casi de 9 millones de nuevos casos y más de un millón de muertes al año. En Chile, la tasa de morbilidad por tuberculosis se ha mantenido en los últimos años, pero la multidrogoresistencia (MDR) ha aumentado en pacientes que han recibido tratamiento. El Instituto de Salud Pública de Chile (ISP) atribuye esta situación a pacientes crónicos que se arrastran de año en año, pero no existen estudios que confirmen esta hipótesis. La genotipificación del complejo Mycobacterium tuberculosis (cMtb) permite la identificación de brotes, hacer la distinción entre reinfección exógena y reactivación endógena e identificar las posibles asociaciones entre pacientes, lo que es útil para cortar la cadena de transmisión desde pacientes con MDR a pacientes nunca antes tratados. Se han descrito 2 métodos de PCR que en conjunto permiten reemplazar el método de referencia, se basan en la variación de las regiones de repeticiones directas en el genoma de Mycobacterium tuberculosis (Spoligotyping) y número variable de repeticiones en tandem de las unidades repetitivas de espaciadores Mycobacterianos (MIRU-VNTRs). El objetivo de esta tesis fue determinar las variantes genéticas de cepas del cMtb aisladas desde pacientes con tuberculosis entre los años 2008 y 2011, pertenecientes a dos centros de salud de la Región Metropolitana (SSM Central) y comparar estas variantes con las descritas en literatura para otras zonas geográficas. Se estudiaron 43 cepas del cMtb, 7 corresponden al Hospital San Borja Arriarán y las restantes a la Red de Salud UC, se les realizó PCR de los 12 MIRU-VNTRs (02,04,10,16,20,23,24,26,27,31,39 y 40) obteniendo el número de repeticiones correspondientes y Spoligotyping, para amplificar los 43 espaciadores de la región de repeticiones directas y detectarlos por hibridación. El análisis de resultados se realizó en la base de datos SITVITWEB y MIRU-VNTRplus. Resultado: Los linajes obtenidos corresponden a LAM9 (10), LAM3 (6), T1 (9), T2 (3), LAM6 (1), H3(3), BEIJING(2), X1(1), T4-CEU1(2), huérfanas (6). La frecuencia de linajes son: LAM 39.5%, T 32.5%, H 7.0%, Beijing 4,7%, X 2,3% y huérfanas 14%. Los linajes predominantes en este estudio corresponden los linaje LAM y T, lo cual es comparable con lo ya descrito en Argentina, Brasil, Colombia, Venezuela y Paraguay.