

València, 16 de abril de 2021

Un estudio sobre la tuberculosis en África revela un nuevo linaje en la parte oriental del continente

- **El objetivo de esta investigación ha sido ampliar la información sobre la genética, la filogeografía y la historia evolutiva de *M. africanum*, uno de los grupos en los que se divide a las bacterias de la especie *Mycobacterium tuberculosis***

Mireia Coscollá, investigadora del Instituto de Biología Integrativa de Sistemas (I2SysBio), centro mixto de la Universitat de València y del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), ha dirigido un estudio sobre la bacteria causante de la tuberculosis, una de las 10 enfermedades más mortíferas del mundo, y en el que demuestra la existencia de un nuevo linaje. Tras analizar 675 genomas africanos, en un artículo publicado en la revista *Microbial Genomics* concluye que el nuevo linaje, bautizado como L9, se localiza sobre todo en la parte oriental del continente.

El objetivo de esta investigación ha sido ampliar la información sobre la genética, la filogeografía y la historia evolutiva de *M. africanum*, uno de los grupos en los que se divide a las bacterias de la especie *Mycobacterium tuberculosis*. Esta bacteria era la causante de más muertes que cualquier otra enfermedad infecciosa hasta que apareció el SARS-CoV-2, y se encuentra entre las diez primeras causas de muerte en todo el mundo, sobre todo en el África Subsahariana. En esta zona, los linajes más extendidos que causan esta enfermedad son el linaje 5 (L5) y el linaje 6 (L6), de los cuales todavía no hay mucha información en comparación con los linajes más extendidos en Europa, Norteamérica y Asia.

La novedad de la investigación, en la que por parte del I2SysBio también ha participado Paula Ruiz, ha venido cuando, además de los linajes esperados 5 y 6 de *M. africanum*, han descubierto uno nuevo que comparte similitudes con L6, pero con una distribución geográfica diferente al resto de variantes africanas, además de una sustancial separación genética. Esta nueva variante, a la que proponen llamar Linaje 9 (L9), está presente únicamente en las muestras con origen en África Oriental, mientras que la gran mayoría de los genomas L5 y L6 procedían de África Occidental y África Central.

Mireia Coscollá, investigadora Ramón y Cajal, ha destacado la importancia de los estudios de diversidad genética de *M. africanum*, ya que una gran parte de los estudios dedicados a esta enfermedad están centrados en Europa y Norteamérica, mientras que África está mucho menos estudiada. “Un buen entendimiento de las poblaciones de

cualquier organismo pasa por conocer todas sus poblaciones, y más en el caso de *M. tuberculosis* en África, donde la infección causada por este patógeno golpea muy fuertemente y no puede ser ignorado”.

Otro de los objetivos de la investigación ha sido utilizar el genoma para inferir la resistencia del sublinaje L5 a algunos antibióticos, un aspecto que se había mostrado en estudios previos con conjuntos de datos menores y menos diversos, pero que no se confirma con datos más amplios.

Esta investigación ha contado con el apoyo y la financiación del programa Ramón y Cajal del Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades, la Sociedad Europea de Microbiología Clínica y Enfermedades Infecciosas (ESCMID), cuyo organismo ha atribuido el premio de investigación a Mireia Coscollá; la Conselleria de Educación de la Generalitat Valenciana, la Fundación Nacional Suiza para la Ciencia, el consejo Europeo de Investigación y Wellcome.

Referencia:

Coscolla et al. **Phylogenomics of Mycobacterium africanum reveals a new lineage and a complex evolutionary history.** *Microbial Genomics* 2021; 7:000477. DOI: [10.1099/mgen.0.000477](https://doi.org/10.1099/mgen.0.000477).



Mireia Coscollá, investigadora del Instituto de Biología Integrativa de Sistemas (I2SysBio), centro mixto de la Universitat de València y del CSIC.

Más información:

g.prensa@dicv.csic.es

Tel.: 963 622 757

CSIC Comunicación Comunitat Valenciana

Fuente: I2SysBio

<http://www.dicv.csic.es>