

Distribution of *Mycobacterium tuberculosis* lineages in South America

Autores:

Cabezas Vinueza, Leslie Paola

lpcabezas@espe.edu.ec / leslie-cabezas@hotmail.com

Directora:

Jiménez Arias, Ana Patricia PhD

apjimenez@espe.edu.ec

Fecha de publicación:

01 de Julio del 2021

Dirección web del artículo académico:

<https://cienciadigital.org/revistacienciadigital2/index.php/AnatomiaDigital/article/view/1755>

Resumen

La genotipificación molecular de *Mycobacterium tuberculosis* permite identificar los linajes y sublinajes circulantes en la población y su relación con los movimientos migratorios. Este artículo de revisión tiene por objetivo describir la filogeografía de *Mycobacterium tuberculosis* reportada por los países de Sudamérica mediante el uso de técnicas de genotipificación, analizar los puntos críticos de Tuberculosis para la región y determinar el impacto de la pandemia de COVID-19 en el programa de control de la Tuberculosis. El linaje Latin American Mediterranean (LAM) perteneciente al linaje Euro-Americano (linaje 4) presenta la mayor prevalencia en Sudamérica y le sigue el sublinaje Beijing, perteneciente al linaje Asia oriental (linaje 2). El sublinaje Beijing considerado de interés mundial por su asociación con la Tuberculosis multirresistente (MDR-TB), se encuentra distribuido casi en su totalidad en Sudamérica, siendo Perú el país con mayor prevalencia de este sublinaje. Por otro lado, se han reportado los sublinajes pertenecientes a: Indo-Oceánico (Linaje 1), India-Asia Oriental (Linaje 3) y África Occidental 2 (Linaje 6) con menor prevalencia en Sudamérica. En la actualidad, Brasil y Perú son los puntos calientes de la Tuberculosis y la TB-MDR en Sudamérica, donde el control de la Tuberculosis se vio totalmente afectado por la pandemia de COVID-19. Por lo tanto, ha habido impactos significativos en los programas de vigilancia y contención de la Tuberculosis, dando como resultado diferentes escenarios post-pandémicos, de tal manera que las contribuciones científicas deberán ser evaluadas e implementadas con nuevas estrategias de prevención, diagnóstico, tratamiento y control de la Tuberculosis.

Palabras clave:

- EPIDEMIOLOGÍA MOLECULAR
- GENOTIPIFICACIÓN
- TUBERCULOSIS
- ENFERMEDADES INFECCIOSAS

Distribution of *Mycobacterium tuberculosis* lineages in South America

Autores:

Cabezas Vinueza, Leslie Paola

lpcabezas@espe.edu.ec / leslie-cabezas@hotmail.com

Directora:

Jiménez Arias, Ana Patricia PhD

apjimenez@espe.edu.ec

Fecha de publicación:

01 de Julio del 2021

Dirección web del artículo académico:

<https://cienciadigital.org/revistacienciadigital2/index.php/AnatomiaDigital/article/view/1755>

Abstract

Molecular genotyping of *Mycobacterium tuberculosis* allows for the identification of circulating lineages and sublineages in the population and their relationship with migratory movements. The purpose of this review is to describe the phylogeography of *Mycobacterium tuberculosis* reported in South American countries that was analyzed using genotyping tools, analyze the Tuberculosis hotspots for the region and determine the impact of the COVID-19 pandemic on the Tuberculosis control program. The Latin American Mediterranean (LAM) sublineage belonging to the Euro-American lineage (Lineage 4) presents the highest prevalence in South America and is followed by the Beijing sublineage belonging to the East Asian lineage (Lineage 2). The Beijing sublineage is considered of worldwide interest because of its association with multidrug-resistant tuberculosis (MDR-TB), which is almost entirely distributed in South America, with Peru being the country with the highest prevalence for this sublineage. On the other hand, the Indo-Oceanic (Lineage 1), India-East Asia (Lineage 3) and West- African 2 (Lineage 6) sublineages have been reported with lower prevalence in South America. The molecular techniques used in the genotyping studies for *Mycobacterium tuberculosis* in South America were as follows: typing by complementary oligonucleotide spacer sequences (Spoligotyping), restriction-hybridization patterns (IS6110-RFLP, PGRS-RFLP), mycobacterial interspaced repeat units-variable number tandem repeats (MIRU-VNTR) and whole genome sequencing (WGS). At present, Brazil and Peru are the hotspots for tuberculosis and MDR-TB in South America, where the control of tuberculosis wholly affected by the COVID-19 pandemic. Thus, there have been significant impacts on containment programs and possible post-pandemic scenarios such that scientific contributions will need to be evaluated and implemented with new strategies for prevention, diagnosis, treatment and control of Tuberculosis.

Key words:

- **MOLECULAR EPIDEMIOLOGY**
- **GENOTYPING**
- **TUBERCULOSIS**
- **INFECTIOUS DISEASES**