

RESUM EN VALENCIÀ

En els últims anys s'han desenvolupat diverses tècniques de genotipificació per aïllats de *Mycobacterium tuberculosis* complex (MTBC) que han demostrat tenir un alt poder discriminatori. En aquest estudi, després de la identificació de les soques seleccionades al nivell d'espècie mitjançant la tècnica comercial GenoType® MTBC, s'ha avaluat la utilitat de la tècnica simplificada del Polimorfisme de longitud de fragments amplificats (AFLPs) i la tècnica d'Unitats repetitives Intercalades micobacterianes (MIRU-15). Es van analitzar un total de 131 aïllats clínics dels quals 68 aïllats van ser recol·lectats a Equador, provinents tant del Laboratori Clínic de l'Hospital Alli Causai situat a la ciutat d'Ambato, província de Tungurahua com del Laboratori de Bacteriologia de l'Hospital Carlos Andrade Marín ubicat a la ciutat cabdal Quito, província de Pichincha. Els 63 aïllats restants van ser recol·lectats a Espanya i pertanyien a la col·lecció de microorganismes dels Serveis de Microbiologia del Consorci Hospital General Universitari i Hospital Clínic Universitari de la ciutat de València, província de València. D'aquests aïllats, 126 van ser identificats per mètodes convencionals i moleculars com MTBC, corresponents a 106 pacients. La soca control *Mycobacterium tuberculosis* ATCC 25177 també va ser identificada com a tal mitjançant aquest mètode.

La tècnica AFLPs va permetre agrupar les soques en dotze patrons (P1 a P8, P10, P12, P13, P14), dels quals els més prevalents van ser els patrons P1 i P2 amb 77 (61,1%) i 27 (21, 4%) aïllats respectivament, fet que suposa el 82,5% del total dels mateixos. El van seguir en freqüència el patró P5 amb 5 (3,9%) aïllats, els patrons P3, P4 i P6 van agrupar a 3 aïllats cadascun (2,4%), els patrons P8 i P12 amb 2 aïllats (1,6%) i finalment els patrons P7, P10, P13 i P14 amb 1 aïllat cadascun (0,8%). La soca control *M. tuberculosis* ATCC 25177, va mostrar un perfil de restricció que no va permetre la seva inclusió en cap dels patrons descrits. El poder discriminatori del mètode (HGDI) va ser de 0,5812 enfront de 0,9843 de la tècnica MIRU-15, que va agrupar a 69 soques (54,8%) en 20 complexos clonals i 57 patrons únics (45,2%). Per al cas d'Espanya, les soques van estar relacionades majoritàriament amb el llinatge 4 o Euro-Americà que inclou: Cammeroon (1,59%), Haarlem (36,51%), S (31,75%), i LAM (19,05%); el llinatge 6 o West Africa I (9,53%), el llinatge 1 o EIA (1,59%), Pel cas de l'Equador les soques estaven relacionades amb el llinatge 4: Haarlem (42,86%), S (33,33%), i LAM (22,22%) i el llinatge 2 Beijing (1,59%) originari d'Àsia. La tècnica Miru-VNTR (15 loci) va demostrar ser un sistema estable, reproducible i amb un poder discriminatori alt en comparació amb AFLPs, el que permetria emprar-lo per realitzar estudis poblacionals prospectius amb la finalitat de contribuir als programes de salut pública per al control de la Tuberculosi (TB).

Paraules clau: AFLP, MIRU-VNTR, genotipificació, *Mycobacterium tuberculosis*, llinatge