



Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica

www.elsevier.es/eimc



Cartas al Editor

Sobre la validez de la identificación de especies del complejo *Mycobacterium tuberculosis*. Comentarios al artículo: «Aplicación de métodos moleculares para la identificación de las especies del complejo *Mycobacterium tuberculosis*»

The validity of *Mycobacterium tuberculosis* complex species identification. Comments on the article: “Differentiation of species within the *Mycobacterium tuberculosis* complex by molecular techniques”

Sr. Editor:

En su artículo «Aplicación de métodos moleculares para la identificación de las especies del complejo *Mycobacterium tuberculosis*» Herrera-León et al describen un grupo de métodos fenotípicos y genotípicos para la identificación de diferentes especies del complejo *Mycobacterium tuberculosis*^{1,2}. El esquema que proponen no es válido.

Es sabido desde hace años, que las cepas de *M. africanum* subtipo II pertenecen a la especie *M. tuberculosis*. Por otra parte, *M. africanum* subtipo I abarca dos linajes distintos, llamados West African I (WAI) and West African II (WAI). Sin embargo, el método de digestión con la enzima TaqI (basado en el cambio de G por T en la posición 1450 de *gyrB*) y el método de detectar la delección RD9, utilizados por Herrera-León et al, son incapaces de distinguir entre WAI y WAI o entre ellos y cualquier otra cepa de origen animal. De hecho RD9 y *gyrB* B1450 tienen como blanco la misma posición en el árbol evolutivo del complejo *M. tuberculosis*, y por lo tanto podrían utilizarse indistintamente^{3–10}. Tomando en cuenta esta información se sugiere la re-clasificación de las cepas en cuestión.

Bibliografía

1. Herrera-León L, Pozuelo-Díaz R, Molina Moreno T, Valverde Cobacho A, Saiz Vega P, Jiménez Pajares M. Aplicación de métodos moleculares para la identificación de las especies del complejo *Mycobacterium tuberculosis*. *Enferm Infecc Microbiol Clin*. 2009;27:496–502.

2. Alcaide F. ¿Qué aporta la biología molecular al diagnóstico de la tuberculosis? *Enferm Infecc Microbiol Clin*. 2009;27:493–5.
3. Brosch R, Gordon S, Marmiesse M, Brodin P, Buchrieser C, Eiglmeier K, et al. A new evolutionary scenario for the *Mycobacterium tuberculosis* complex. *Proc Natl Acad Sci USA*. 2002;99:3684–99.
4. Mostowy S, Onipede A, Gagneux S, Niemann S, Kremer K, Desmond E, et al. Genomic analysis distinguishes *Mycobacterium africanum*. *J Clin Microbiol*. 2004;42:3594–9.
5. Gagneux S, DeRiemer K, Van T, Kato-Maeda M, de Jong BC, Narayanan S, et al. Variable host-pathogen compatibility in *Mycobacterium tuberculosis*. *Proc Natl Acad Sci USA*. 2006;103:2869–73.
6. Huard R, Fabre M, de Haas P, Lazzarini L, van Soolingen D, Cousins D, et al. Novel genetic polymorphisms that further delineate the phylogeny of the *Mycobacterium tuberculosis* complex. *J Bacteriol*. 2006;188:4271–87.
7. Gagneux S, Small PM. Global phylogeography of *Mycobacterium tuberculosis* and implications for tuberculosis product development. *Lancet Infect Dis*. 2007;7:328–37.
8. Hershberg R, Lipatov M, Small PM, Sheffer H, Niemann S, Homolka S, et al. High functional diversity in *Mycobacterium tuberculosis* driven by genetic drift and human demography. *PLoS Biol*. 2008;6:e311.
9. Comas I, Homolka S, Niemann S, Gagneux S. Genotyping of genetically monomorphic bacteria: DNA sequencing in *Mycobacterium tuberculosis* highlights the limitations of current methodologies. *PLoS One*. 2009;4:e7815.
10. Vasconcellos S, Huard R, Niemann S, Kremer K, Santos A, Suffys P, et al. Distinct genotypic profiles of the two major clades of *Mycobacterium africanum*. *BMC Infect Dis*. 2010;10:80.

Claudio U. Köser^{a,*}, Silvia Piñero-Fernández^a, Stefan Niemann^b y David K. Summers^a

^a Department of Genetics, University of Cambridge, Cambridge, Reino Unido

^b Molecular Mycobacteriology, Research Center Borstel, Borstel, Alemania

* Autor para correspondencia.

Correo electrónico: cuk21@cam.ac.uk (C.U. Köser).

doi:10.1016/j.eimc.2010.10.008