



Universidad
Autónoma
de Nayarit

Revista
Bio ciencias

ISSN: 2007-3380



CONAHCYT

CONSEJO NACIONAL DE HUMANIDADES
CIENCIAS Y TECNOLOGÍAS



REMexTB



CICESE



Memorias de:

Congreso Internacional de Investigación en TUBERCULOSIS y otras MICOBACTERIOSIS 2025



Cite this paper/Como citar este artículo:

Red Mexicana de Investigación en Tuberculosis y otras Micobacteriosis A.C. (2026). Memorias de congreso Internacional de Investigación en TUBERCULOSIS y otras MICOBACTERIOSIS 2025. *Revista Bio Ciencias* 13 (Suppl), e2136. <https://doi.org/10.15741/revbio.13.Suppl.e2136>

TABLA DE CONTENIDO

En orden alfabético según el área temática

BIOLOGÍA MOLECULAR Y CIENCIAS ÓMICAS

Introducción

REMexTB	11
ANÁLISIS DE LA MICROBIOTA RESPIRATORIA Y CITOCINAS EN SUERO DE PACIENTES CON TUBERCULOSIS ACTIVA Y SUS CONTACTOS CERCANOS	
Torres Moreno <i>et al</i>	12
ANÁLISIS TRANSCRIPTÓMICO EN TEJIDO PULMONAR Y EXTRAPULMONAR DE LA RESPUESTA DEL HOSPEDERO EN UN MODELO MURINO DE TUBERCULOSIS LATENTE.	
Tovar Vázquez <i>et al</i>	13
ESTUDIOS SOBRE O-GLICOANTÍGENOS RECOMBINANTES DE <i>M. tuberculosis</i> PRODUCIDOS EN <i>Pichia pastoris</i> PARA EL ESTUDIO DE LA TUBERCULOSIS	
Valdez-Cruz <i>et al</i>	14
EVIDENCIAS MOLECULARES DE LA EXISTENCIA EN EL CEREBRO DE MICOBACTERIAS EN ESTADO LATENTE	
Tovar-Vázquez <i>et al</i>	15
PRODUCCIÓN HETERÓLOGA DE LA PROTEÍNA APA (45/47 KDa) DE <i>Mycobacterium tuberculosis</i> EN SISTEMAS BACTERIANOS Y FÚNGICOS: <i>Escherichia coli</i>, <i>Streptomyces lividans</i> y <i>Pichia pastoris</i> (<i>Komagataella phaffii</i>).	
Trujillo-Roldán <i>et al</i>	16

CIENCIAS DE DATOS (BIOINFORMÁTICA E INTELIGENCIA ARTIFICIAL)

DISEÑO *IN SILICO* DE UN CANDIDATO VACUNAL DE circRNA MULTIEPÍTOPO CONTRA *Mycobacterium tuberculosis*

González-Silva *et al* 17

DISEÑO DE PÉPTIDOS ANTIMICROBIANOS MEDIANTE INTELIGENCIA ARTIFICIAL Y SU CARACTERIZACIÓN POR RESONANCIA DE PLASMÓN SUPERFICIAL

Cabral-Venegas *et al* 18

Evidencia genómica de transmisión interestatal de tuberculosis en México

Mejía-Ponce *et al* 19

DIAGNÓSTICO, LAB PARA TB Y BIOSEGURIDAD

ANÁLISIS DE LA RESPUESTA INMUNE HUMORAL DE PACIENTES CON TUBERCULOSIS PULMONAR CONTRA ANTÍGENOS DE *MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS*

García-García *et al* 20

CARACTERIZACIÓN BIOQUÍMICA DE UN GLICOANTÍGENO RECOMBINANTE QUIMÉRICO DE *Mycobacterium tuberculosis* PRODUCIDO EN *Pichia pastoris* (*Komagataella phaffii*)

Mesa- Lozano & Trujillo- Roldán 21

DETECCIÓN ACTIVA DE CASOS DE TUBERCULOSIS EN LA POBLACIÓN PRIVADA DE LIBERTAD EN BAJA CALIFORNIA MEDIANTE INTELIGENCIA ARTIFICIAL Y TECNOLOGÍA GENÓMICA

Robles-Flores *et al* 22

DETECCIÓN DE MATERIAL GENÉTICO DE *Mycobacterium tuberculosis* USANDO MUESTRAS DE LA MUCOSA BUCAL Y PCR EN PUNTO FINAL: resultados preliminares

Martínez- Valderrama *et al* **23**

EVALUACIÓN COMPARATIVA DE CULTIVO BACTEC™MGIT Y ANYPLEX™ II MTB/MDR/XDR PARA LA DETECCIÓN DE TUBERCULOSIS

Ituarte-Núñez *et al* **24**

Evaluación de la potencia y seguridad de la vacuna BCG en cobayas como modelo experimental

Kim Seula *et al* **25**

EVALUACIÓN NUEVA PLATAFORMA MOLECULAR PARA LA DETECCIÓN DE *Mycobacterium tuberculosis* y RESISTENCIA ANTIBIÓTICA COMO ALTERNATIVA DE DIAGNÓSTICO EN ZONAS DE ALTA DEMANDA ANALÍTICA

Yee- Martinez *et al* **26**

PAPEL DE MICOBACTERIAS AMBIENTALES SOBRE LA EFICACIA DE LA VACUNA CONTRA LA TUBERCULOSIS BOVINA

González Ramírez *et al* **27**

EPIDEMIOLOGIA

Distribución espacial del tratamiento de tuberculosis pulmonar y su relación con los estratos del Índice Rezago Social en México en el periodo 2000-2017

Reyes Cisneros & Castañeda Cediell **28**

Distribución geográfica de secuencias genómicas de *M. tuberculosis* en bases de datos públicas para un análisis filogenómico

Ramírez-Higuera *et al* **29**

FACTORES ASOCIADOS CON EL DIAGNÓSTICO DE TUBERCULOSIS ENTRE PACIENTES VIH NEGATIVOS CON SÍNTOMAS COMPATIBLES CON LA ENFERMEDAD EN ,COLIMA, MÉXICO

De la Cruz-Ruiz *et al* **30**

Modelado y Pronóstico de Casos Semanales de Tuberculosis Respiratoria en Baja California para 2025 Utilizando ARIMA

Esquivel *et al* **31**

Presencia de comorbilidades y su asociación a la resistencia antimicrobiana de tuberculosis, en un centro de referencia nacional en la región del bajo y norte del país.

Rodríguez-Carlos *et al* **32**

ESQUEMAS DE TRATAMIENTO Y NUEVAS TERAPIAS

DOSIFICACIÓN DE PRECISIÓN BASADA EN MODELOS DE RIFAMPICINA E ISONIACIDA Y SU APLICABILIDAD CLÍNICA EN PACIENTES CON TUBERCULOSIS ACTIVA

Gutiérrez-Lozano *et al* **33**

EFFECTO CLÍNICO Y BACTERIOLÓGICO DEL ÁCIDO ASCÓRBICO EN PACIENTES CON TUBERCULOSIS PULMONAR.

Plata-Cibrián & Yancarlos **34**

MONITOREO TERAPÉUTICO DE FÁRMACOS ANTITUBERCULOSOS DE PRIMERA LÍNEA A TRAVÉS DE MICROMUESTREO CON GOTAS DE SANGRE SECA

Velarde-Salcedo *et al* **35**

REPOSICIONAMIENTO DE FÁRMACOS APROBADOS POR LA FDA COMO INHIBIDORES DE FTSZ CONTRA *Mycobacterium tuberculosis*: UN ESTUDIO *IN SILICO* E *IN VITRO*.

Tovar-Nieto *et al* 36

VACUNAS DE SUBUNIDADES DIRIGIDAS A ESXG-ESXH: INDUCCIÓN DE ANTICUERPOS PROTECTORES FRENTE A LA TUBERCULOSIS

Martínez-Olivares *et al* 37

FARMACORESISTENCIA

MULTIDROGORRESISTENCIA E INHIBICIÓN DE BOMBAS DE EXPULSIÓN EN *Mycobacterium tuberculosis* H37Rv BAJO PRESIÓN DE GLUCOSA.

Cornejo-Báez *et al* 38

SENSIBILIDAD DE *Mycobacterium lepreum* A VEINTIDÓS FÁRMACOS MEDIANTE EL ENSAYO DE ALAMAR AZUL

García-Cárdenas *et al* 39

GRUPOS VULNERABLES

CONDICIONES DE VIDA Y PERCEPCIÓN DE LOS SERVICIOS DE SALUD EN LA COMUNIDAD: ESTUDIO CUALITATIVO EN SAN QUINTÍN, BAJA CALIFORNIA

Villa-Avilés *et al* 40

Determinantes sociales y clínico-asistenciales asociados a desenlaces desfavorables en pacientes con tuberculosis en Mexicali, 2024.

Cabanillas Montoya *et al* 41

IDENTIFICACIÓN DE FACTORES DE RIESGO DE ABANDONO AL TRATAMIENTO ANTITUBERCULOSO EN PACIENTES DE LA JURISDICCIÓN SANITARIA II DE AGUASCALIENTES: ANÁLISIS PRELIMINAR 2025

Peña *et al* 42

PREVALENCIA DE TUBERCULOSIS EN ADULTOS MAYORES EN IZTACALCO, CDMX, SEGÚN CUARTILES DEL ÍNDICE DE MARGINACIÓN

Mantilla Ríos & Sánchez Garrido *et al* 43

UNA DIETA RICA EN VITAMINAS B IMPLICADA EN LA REGULACION GENÉTICA DEL METABOLISMO ENERGÉTICO Y RESPUESTA INMUNE EN LA MICROBIOTA INTESTINAL DE PACIENTES CON TUBERCULOSIS.

Ochoa-Lugo *et al* 44

INVESTIGACIÓN EN SERVICIOS DE SALUD

USO DE QURE.AI EN LA LECTURA ASISTIDA DE RADIOGRAFÍAS DE TÓRAX COMO HERRAMIENTA DE TAMIZAJE PARA TUBERCULOSIS EN UNA MUESTRA DE PERSONAS PRIVADAS DE LA LIBERTAD EN MEXICALI, BAJA CALIFORNIA.

Ramírez-Escamilla *et al* 45

ANÁLISIS ESPACIAL Y TEMPORAL DE CASOS DE TUBERCULOSIS EN IZTACALCO (2022-2025): IDENTIFICACIÓN DE BROTES Y CADENAS DE TRANSMISIÓN CON GO.DATA

Mantilla Ríos *et al* 46

FRECUENCIA, FACTORES RELACIONADOS Y DESENLACES DE LACOEXISTENCIA TUBERCULOSIS Y DIABETES EN CALI, COLOMBIA.

Garza-Bermúdez *et al* 47

TUBERCULOSIS EN MÉXICO: HALLAZGOS DE UN MONITOREO LIDERADO POR LA COMUNIDAD

Gordillo-Marroquín *et al*

48

MICOBACTERIAS NO TUBERCULOSAS

DETERMINACIÓN DEL ANHÍDRIDO MALEICO COMO INHIBIDOR DEL CRECIMIENTO EN MICOBACTERIAS NO TUBERCULOSAS

Novelo- León *et al*

49

EL TRATAMIENTO CON EDL Y BUTIRATO DE SODIO INHIBEN LA ANERGIA EN LA LEPRO MURINA

Islas-Trujillo *et al*

50

IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE MICOBACTERIAS EN PACIENTES CON DIAGNÓSTICO DE TUBERCULOSIS EN TIJUANA, BAJA CALIFORNIA

Ruiz-Tamayo *et al*

51

IDENTIFICACIÓN DE MARCADORES GENÉTICOS DE RESISTENCIA A ANTIBIÓTICOS EN SUBESPECIES DEL COMPLEJO *Mycobacterium abscessus* EN AISLAMIENTOS DE MUESTRAS PULMONARES RECIBIDOS POR EL GRUPO DE MICOBACTERIAS EN COLOMBIA.

Rocha Chamorro *et al*

52

IDENTIFICACIÓN DE MUTACIONES ESPONTÁNEAS EN GENES ASOCIADOS A DROGORRESISTENCIA EN MICOBACTERIAS NO TUBERCULOSAS AISLADAS EN YUCATÁN

Uc Ek & Vargas González

53

LAS CÉLULAS T REGULADORAS (TREG) PARTICIPAN DE EN EL DESARROLLO DE LA ANERGIA EN LA LEPRO MURINA

Islas Trujillo *et al*

54

MICROBIOLOGÍA E INMUNOLOGÍA

Análisis ómico de la red neuro-inmuno-endocrina durante el sickness behavior en el modelo de lepra murina

Becerril-Villanueva *et al*

55

EFFECTOS DE BIOPOLIMEROS Y SUS NANOESTRUCTURAS EN MODELOS DE INFECCIÓN *in vitro* CON *Mycobacterium tuberculosis*

González-Muñoz *et al*

56

Estudio de la delección de Rv1357c en las cepas de *Mycobacterium tuberculosis* (Mtb) H37Rv y HN878.

López-Santacruz *et al*

57

Influencia de las células Tregs en la infección aguda y crónica con una cepa hipervirulenta de *Mycobacterium tuberculosis*

Lozano Ordaz *et al*

58

LA TUBERCULOSIS ACTIVA INDUCE UNA DISFUNCIÓN PERSISTENTE EN LA PRODUCCIÓN DE MOLÉCULAS CITOTÓXICAS, AÚN ANTE LA REEXPOSICIÓN A BCG

Ramon-Luing *et al*

59

PAPEL DE LA CALRETICULINA EN LA INFECCIÓN CON *Mycobacterium tuberculosis*

Salcedo-Hernández *et al*

60

PEPTIDOS ANTIMICROBIANOS (CATHELICIDINAS) OBTENIDAS DE HIENAS CON CAPACIDAD ANTIMICOBACTERIANA Y QUIMIOTACTICA.

Mata Espinosa *et al* **61**

Producción de anticuerpos contra linajes específicos de *M. tuberculosis*

Cortez de la Fuente *et al* **62**

TUBERCULOSIS LATENTE CEREBRAL, SU POSIBLE RELACIÓN CON COMPORTAMIENTO AGRESIVO ANTISOCIAL

Lara- Espinosa *et al* **63**

Utilidad potencial de los índices SII y SIRI como marcadores de inflamación en Tuberculosis Pulmonar Activa

Sánchez Díaz *et al* **64**

TB PEDIÁTRICA

Deficiencia autosómica completa recesiva de IFN- γ R1 en lactante con infección por *M. tuberculosis* que aparenta infección por BCG

Espinosa Padilla *et al* **65**

TUBERCULOSIS PERICÁRDICA EN PACIENTE PEDIÁTRICO: REPORTE DE CASO Y REVISIÓN DE LA LITERATURA

Cornejo- Alcántara *et al* **66**

Introducción

La tuberculosis (TB), es una enfermedad causada por el *Micobacterium tuberculosis* (*Mtb*) que es considerada de gran trascendencia en el ámbito mundial y de la que México no escapa.

No obstante, a pesar de que es una enfermedad prevenible y curable, la Organización Mundial de la Salud (OMS) publicado en este 2025 que cada año aparecen más de 10 millones de casos nuevos de TB y más de un millón mueren por esta enfermedad, convirtiéndola en la principal causa de muerte por un solo agente infeccioso en el mundo.

En México, de acuerdo con los datos del Centro Nacional de Prevención y Control de Enfermedades (CENAPRECE, SSA) en 2024 se registraron en el país 25,936 casos nuevos de TB, con una tasa de 19.6 por 100,000 habitantes y, en 2023 -último año del que se tienen datos oficiales- ocurrieron al menos 2,671 defunciones por esta causa, con una tasa de 2.0 en el citado denominador.

Ante esta problemática, surgieron varias iniciativas en el país en especial en el año 2019 la SSA, en coordinación con la Organización Panamericana de la Salud (OPS), convocó a una reunión para impulsar la creación de la Red Nacional de Investigación para la Prevención y Control de la Tuberculosis en México, cuya formalización se concretó en el 2022 bajo el nombre de Red Mexicana de Investigación en Tuberculosis y Otras Micobacteriosis, A.C. (REMEXTB), compuesta por investigadores, investigadoras y académicos, así como miembros de organizaciones de la sociedad civil y representantes del Programa Nacional de Tuberculosis (PNT, SSA).

Es en este marco la REMEXTB organizó, junto con el Centro de Investigación Científica y de Educación Superior de Ensenada (CICESE), y con apoyo de otras instituciones de la sociedad civil y empresas del sector se realizó la tercera edición del **Congreso Internacional de Investigación en Tuberculosis y Otras Micobacteriosis**, durante el 27 - 29 de agosto de 2025 en Ensenada, Baja California. Durante nuestro evento se presentaron 7 Ponencias magistrales, 4 Simposios, 56 Trabajos libres, y 6 Charlas técnicas.

En continuidad con el compromiso de la REMEXTB presentamos los resúmenes de los trabajos libres para su divulgación, agradecemos la disponibilidad y el espacio de la Revista Biociencias, de la Universidad Autónoma de Nayarit, para la publicación.

Atentamente,

A nombre de la REMEXTB, Dr. Héctor Javier Sánchez Pérez, presidente del Consejo Directivo

Comité local del CICESE,

Dr. Alexei Fedorovich Licea Navarro, Investigador Titular Nivel E, Director de Impulso a la Innovación y el Desarrollo.



REMexTB



CICESE

Área de investigación: **Biología Molecular y ciencias ómicas**

ANÁLISIS DE LA MICROBIOTA RESPIRATORIA Y CITOCINAS EN SUERO DE PACIENTES CON TUBERCULOSIS ACTIVA Y SUS CONTACTOS CERCANOS

Torres Moreno Raymundo ^{1,2*}; Gómez-García Itzel Alejandra ⁴;
Zuñiga Ramos Joaquín ⁴; Muñoz Torrico Marcela ³; Rivas Aparicio
Rosa María ²; Silva-Herzog Márquez Eugenia¹

¹Laboratorio de Vinculación Científica, Instituto Nacional de Medicina Genómica (UNAM-INMEGEN), CDMX. ²Laboratorio de Producción y Control de Biológicos, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, IPN CDMX. ³Clínica de Tuberculosis, Instituto Nacional de Enfermedades Respiratorias "Ismael Cosío Villegas", CDMX. ⁴Laboratorio de Inmunobiología y Genética, Instituto Nacional de Enfermedades Respiratorias CDMX; Tecnológico de Monterrey, Escuela de Medicina y Ciencias de la Salud, CDMX E-mail: raytorres4@outlook.com

Introducción y objetivo. El estudio de contactos cercanos (CC) de pacientes con tuberculosis pulmonar activa (TBPA) constituye un pilar fundamental tanto para el control epidemiológico de la enfermedad como para la comprensión de sus dinámicas de transmisión, factores de riesgo y mecanismos de susceptibilidad. Dentro del grupo de contactos cercanos de estos pacientes, existen individuos con infección asintomática (CCIA) y otros que a pesar de estar expuestos no están infectados (CCNI). La microbiota respiratoria es un factor que contribuye en la modulación de la susceptibilidad a la tuberculosis. Este trabajo plantea analizar la composición de la microbiota respiratoria de pacientes con TBPA y sus CC, y correlacionarla con el perfil de citocinas circulantes de estos individuos.

Métodos. Pacientes con TBPA de primer diagnóstico y sus contactos cercanos. A partir de una muestra de esputo, se extrajo ADN y se secuenció la región V3-V4 del gen 16S rRNA. El procesamiento y asignación taxonómica se realizó a través de QIIME2 y el análisis en R. La cuantificación de citocinas proinflamatorias

y antiinflamatorias en suero se utilizó la tecnología de MILLIPLEX® múltiple para inmunoanálisis Luminex.

Resultados. El análisis de la microbiota respiratoria muestra patrones de abundancia relativa similares en los tres grupos, con una mayor proporción de los phyla Bacteroidetes y Actinobacteria. Encontramos un mayor porcentaje de los géneros *Leptotrichia* y *Campylobacter* en TBPA, y de *Prevotella* y *Peptostreptococcus* en CCNI. En la microbiota nuclear encontramos diferencias significativas en los distintos grupos: incluyendo el género *Streptococcus* exclusivamente en TBPA, mientras que los géneros *Stomatobaculum*, *Lachnoanaerobaculum* y *Oribacterium* en CCNI. El análisis de las citocinas circulantes muestra diferencias significativas en IL-8, IL-1a, IL-4, IL-6, INF- γ , y TNF- α .

Conclusión. El análisis de la microbiota respiratoria muestra diferencias significativas entre individuos con TBA y sus CC. Estos cambios asociados a un diferente perfil de citocinas circulantes, pueden ser determinantes en la modulación a la susceptibilidad a la tuberculosis.



REMexTB



CICESE

TUBERCULOSIS
y otras
MICOBACTERIOSIS
2025

Área de investigación: **Biología Molecular y ciencias ómicas**

ANÁLISIS TRANSCRIPTÓMICO EN TEJIDO PULMONAR Y EXTRAPULMONAR DE LA RESPUESTA DEL HOSPEDERO EN UN MODELO MURINO DE TUBERCULOSIS LATENTE.

Tovar Vázquez Blanca Estela ^{1,2*}; Hernández Pando Rogelio
Enrique ²; Rebollar Vega Rosa Gloria ³; Hernández Montes
Georgina ²; López Barradas Adriana Margarita ⁴; Barrios Payán
Jorge Alberto ²

¹. Posgrado en Ciencias Biológicas, UNAM ². División de Patología Experimental, Instituto Nacional de Ciencias Médicas y Nutrición Salvador Zubirán ³. Red de Apoyo a la Investigación, Coordinación de la Investigación Científica, Universidad Nacional Autónoma de México e Instituto Nacional de Ciencias Médicas y Nutrición Salvador Zubirán ⁴. Departamento de Fisiología de la Nutrición, Instituto Nacional de Ciencias Médicas y Nutrición Salvador Zubirán.

E-mail: blanka.tovaz@gmail.com

Introducción y objetivo. La infección por tuberculosis latente (LTBI) afecta a aproximadamente una cuarta parte de la población mundial y representa una fuente importante de casos de reactivación y progresión a tuberculosis activa. Sin embargo, los mecanismos moleculares involucrados en el establecimiento y mantenimiento de la latencia en el hospedero aún no están caracterizados. El objetivo de este estudio fue identificar firmas transcriptómicas en tejido pulmonar y extrapulmonar asociadas a la respuesta del hospedero en la infección latente por *Mycobacterium tuberculosis* (*Mtb*) utilizando la cepa H37Rv y dos aislados clínicos (1556 y 36226).

Métodos. Se infectaron ratones BALB/c con 10 UFC de *Mtb* (cepas H37Rv, 1556 y 36226). Se evaluó la carga bacilar, la respuesta a prueba de hipersensibilidad tipo IV (DTH) y la reactivación mediante inmunosupresión. Se identificaron bacilos viables no cultivables mediante RT-qPCR y PCR *in situ*, y posteriormente, se realizó RNA-seq en tejido pulmonar y renal para el análisis de expresión génica diferencial.

Resultados. Los animales infectados con H37Rv y 1556 presentaron las características relacionadas con nuestro modelo murino de infección latente: cultivos negativos, respuesta DTH positiva, y reactivación tras inmunosupresión. El análisis transcriptómico reveló una activación de vías inmunológicas en tejido pulmonar infectado con H37Rv, mientras que en la infección con la cepa 1556 se activaron predominantemente rutas metabólicas. En el tejido renal, se presentó una situación opuesta, la cepa 1556 promovió una marcada activación de vías inmunológicas y una represión considerable de vías metabólicas.

Conclusión. Se obtuvo un perfil transcriptómico detallado de la respuesta del hospedero en un modelo murino de LTBI, con respuestas específicas según la cepa de infección y tejido infectado. La comparación de firmas transcriptómicas entre pulmón y tejido renal reveló diferencias significativas en la respuesta del hospedero; H37Rv induce principalmente una activación inmune en pulmón, mientras que 1556 genera una respuesta más diversa en riñón.



REMexTB



Área de investigación: **Biología Molecular y ciencias ómicas**

ESTUDIOS SOBRE O-GLICOANTÍGENOS RECOMBINANTES DE *M. tuberculosis* PRODUCIDOS EN *Pichia pastoris* PARA EL ESTUDIO DE LA TUBERCULOSIS

Valdez-Cruz Norma A.^{1*}; Bando-Campos Carlos G.^{2,3};
Castillo-Rodal Antonia I.⁴; Olvera Clarita⁵; López-vidal
Yolanda⁴; Espitia Clara⁶; y Trujillo-Roldán Mauricio A.¹

¹. Centro de Nanociencias y Nanotecnología, UNAM, Ensenada, Baja California, México.

². Posgrado en Ciencias Bioquímicas, UNAM, Ciudad de México, México. ³. Sartorius de

México S.A. de C.V.. ⁴. Facultad de Medicina, UNAM, Ciudad de México, México. ⁵. Instituto de

Biotechnología, UNAM, Cuernavaca, Mor. México. ⁶. Instituto de Investigaciones Biomédicas,

UNAM, Ciudad de México, México. E-mail: adri@ens.cnyn.unam.mx

Introducción y objetivo. La O-manosilación es una modificación postraducciona que afecta la estructura y función de las proteínas recombinantes. Esta vía está conservada entre actinobacterias como *Mycobacterium tuberculosis* (*Mtb*) y levaduras como *Pichia pastoris*, aunque ocurre en regiones celulares distintas, implicando la unión de manosas en enlaces α -1,2 a residuos de serina o treonina, por lo que *P. pastoris* representa un sistema prometedor para la producción de O-glicoantígenos de *Mtb*. El objetivo del trabajo es evaluar el potencial de *P. pastoris* en la producción de O-glicoantígenos recombinantes de *Mtb* con características estructurales y propiedades inmunológicas similares con las proteínas nativas.

Métodos. Las glicoproteínas recombinantes fueron producidas en *P. pastoris*, bajo el control del promotor pAOX1 inducible por metanol, en matraces y biorreactores. Las proteínas fueron recuperadas y purificadas por cromatografía y se caracterizaron por espectrometría de masas. Mediante inmunoensayos

se determinó su reconocimiento por anticuerpos en sueros de pacientes.

Resultados. Se obtuvieron hasta ~40 mg/L con una pureza del 98%. Se demostró la caracterización de las glicoproteínas recombinantes generadas, adosadas con entre una hasta 9 manosas. Se caracterizaron tanto la estructura primaria y secundaria de las proteínas, así como su patrón de O-manosilación. Se demostró el reconocimiento de las glicoproteínas por anticuerpos séricos de pacientes con tuberculosis activa, sugiriendo indirectamente una similitud estructural con la proteína nativa de *Mtb*.

Conclusiones. Demostramos similitud estructural entre las O-glicoproteínas recombinantes producidas en *P. pastoris* y las proteínas nativas de *M. tuberculosis*, lo que respalda el uso de *P. pastoris* como un sistema eficiente para la producción de O-glicoantígenos de *Mtb*, con potencial aplicación en estudios sobre la infección tuberculosa y su diagnóstico.



REMexTB



Área de investigación: **Biología Molecular y ciencias ómicas**

EVIDENCIAS MOLECULARES DE LA EXISTENCIA EN EL CEREBRO DE MICOBACTERIAS EN ESTADO LATENTE

Tovar-Vázquez Blanca Estela ¹; Sánchez-Rojas Yuliana
Alejandra ¹; Hernández-Montes Georgina ² Rebollar-Vega Rosa
Gloria ²; López-Barradas Adriana Margarita ²; Hernández-Pando
Rogelio ¹; Barrios-Payán Jorge Alberto^{1*}

¹. Laboratorio de Patología Experimental, Departamento de Patología, Instituto Nacional de Ciencias Médicas y Nutrición Salvador Zubirán. ². Unidad de Bioinformática, Bioestadística y Biología Computacional y Laboratorio de Genómica, Red de Apoyo a la Investigación, Instituto Nacional de Ciencias Médicas y Nutrición Salvador Zubirán.

E-mail: jorge.barriosp@incmnsz.mx

Introducción y objetivo. En la TB latente, las bacterias mantienen una baja actividad metabólica con mínima o nula actividad reproductiva debido a la actividad constante de la inmunidad innata y adquirida, por lo cual el sujeto infectado es asintomático e incapaz de transmitir la enfermedad. Nuestro grupo ha demostrado que micobacterias en estado latente no solo existen en macrófagos localizados en granulomas pulmonares antiguos, sino también en células diversas como fibroblastos, adipocitos, células endoteliales y epiteliales del pulmón, hígado, bazo y riñón. Es posible que en el cerebro también existan bacterias en estado latente considerando que en el 30% de los casos de TB meníngea no coexiste TB pulmonar, lo cual sugiere reactivación selectiva de infección latente cerebral. El objetivo de este trabajo fue detectar por técnicas moleculares micobacterias en estado latente en tejido cerebral de personas que murieron por causas ajenas a la TB.

Métodos. De fragmentos del tallo cerebral obtenidos de autopsias forenses se purificó DNA total para determinar por PCR punto final la secuencia de inserción IS6110

específica de Mtb. De los tejidos positivos a IS-6110 se purificó RNA total para evaluar la transcripción por PCR en tiempo real del RNAr16S indicador de viabilidad y de genes distintivos de bacterias en estado latente. Los mismos procedimientos se realizaron en el cerebro de ratones BALB/c con TB latente pulmonar.

Resultados. En 10 autopsias de 40 estudiadas se detectó el transposón IS6110, así como la expresión de RNAr16S y los genes distintivos de infección latente DosS, DosT, icl, hspX. En el 90% de los ratones con infección latente se observaron los mismos cambios. Se crearon bibliotecas genómicas de todas las muestras positivas para secuenciación masiva de RNAs, en el tejido humano existieron 9 genes sobre-expresados y 10 reprimidos. En los cerebros de ratón la relación fue de 1509 y 1191 respectivamente, cuyo significado funcional está en estudio.

Conclusión. La secuenciación del transcriptoma en un órgano inmunoprivilegiado como el cerebro, nos ha permitido indagar la interacción genético-inmunológica entre el hospedero y las micobacterias durante el estado latente.



REMexTB



Área de investigación: **Biología Molecular y ciencias ómicas**

**PRODUCCIÓN HETERÓLOGA DE LA PROTEÍNA APA (45/47 KDa) DE
Mycobacterium tuberculosis EN SISTEMAS BACTERIANOS Y FÚNGICOS:
Escherichia coli, *Streptomyces lividans* y *Pichia pastoris*
(*Komagataella phaffii*).**

Trujillo-Roldán Mauricio A. ^{1*}; Gamboa-Suasnavart
Ramses A. ^{2,3}; Bando-Campos Carlos G. ^{2,3}; Rosiles Diego¹;
Marín-Palacio Luz D. ^{2,4}; Nava-Ocampo Maria F.⁵; Mesa-Lozano
Nataly ^{1,2}; Restrepo-Pineda Sara ⁶; Valdez-Cruz Norma A.⁵;

¹. Centro de Nanociencias y Nanotecnología, UNAM, Ensenada, Baja California, México.

². Posgrado en Ciencias Bioquímicas, UNAM, Ciudad de México, México. ³. Sartorius de México S.A. de C.V.. ⁴. Universidad Eafit, Medellín, Colombia. ⁵. MEA Group GmbH, Alemania.

⁶. Planta de Producción de Medicamentos y Afines, Universidad de Antioquia, Sede Medellín, Colombia. E-mail: maurotru@ens.cnyn.unam.mx

Introducción y objetivo. APA (alanine-proline-antigen o proteína de 45/47 kDa), es una glicoproteína secretada de alta relevancia en el desarrollo de vacunas e inmunodiagnósticos (1). Su O-glicosilación con residuos de manosa contribuye a su reconocimiento por el sistema inmunológico del huésped (1,2). Sin embargo, su producción a partir de *M. tuberculosis* presenta desafíos biotecnológicos por restricciones de bioseguridad, la complejidad de su cultivo y los bajos rendimientos asociados (1,2). La expresión recombinante representa una alternativa segura, escalable y económicamente viable. En los últimos 17 años nuestro objetivo ha sido comprender las diferencias estructurales y funcionales de la proteína recombinante APA (rAPA) de *M. tuberculosis* producida en *E. coli*, *S. lividans* y *P. pastoris*, con el fin de establecer las implicaciones biotecnológicas y biomédicas de su producción.

Métodos. Se evaluaron estrategias de cultivo en diversos diseños de matraces agitados y biorreactores. Se desarrollaron estrategias de purificación para cada plataforma microbiana. Se realizaron análisis estructurales y funcionales de rAPA, incluyendo su perfil de glicosilación y su capacidad de inducir una respuesta inmunológica, con el propósito de establecer comparaciones entre los distintos

sistemas de producción.

Resultados. En *E. coli*, rAPA se obtuvo principalmente en cuerpos de inclusión, con altas productividades, aunque sin modificaciones postraduccionales. En *P. pastoris*, se logró una alta producción de rAPA soluble secretada con un alto contenido de O-manosilación. En *S. lividans* se observaron formas glicosiladas similares nativa de *M. tuberculosis*, y se observó que las condiciones de cultivo influyen directamente en las glicofomas producidas. Las secuencias génicas utilizadas en *E. coli* y *P. pastoris* fueron optimizadas en su uso de codones, mientras que en *S. lividans* no se realizó dicha optimización, debido a su cercanía filogenética con *M. tuberculosis*. Se observaron diferencias en el reconocimiento de rAPA dependiendo del modelo microbiano entre pacientes con TB confirmada, personas sanas con prueba de tuberculina positiva, y de aquellos tuberculina-negativos.

Conclusión. La respuesta diferencial de rAPA parece estar mediada por su perfil de O-manosilación, como función del hospedero y condiciones de cultivo, lo que resalta la importancia de las modificaciones postraduccionales en su inmunogenicidad y reconocimiento por anticuerpos humanos.



REMexTB



Área de investigación: **Ciencias de datos (Bioinformática e inteligencia artificial)**

DISEÑO *IN SILICO* DE UN CANDIDATO VACUNAL DE circRNA MULTIEPÍTOPO CONTRA *Mycobacterium tuberculosis*

González-Silva Myriam Stephania ^{1*}; Castelán Vega
Juan Arturo ¹; Jiménez Alberto Alicia ¹; Aparicio Ozores
Gerardo ¹; Ribas-Aparicio Rosa María ^{1*}

¹Laboratorio de Biotecnología Molecular y Farmacéutica y Laboratorio de Producción y Control de Biológicos, Departamento de Microbiología, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional, México City, México. E-mail: rribas@ipn.mx

Introducción y objetivo: La tuberculosis (TB) causa alrededor de 1.3 millones de muertes anuales y continúa siendo un grave problema de salud pública, especialmente en países con alta carga de la enfermedad y limitaciones en el acceso a servicios de diagnóstico y tratamiento, como es el caso de México. Esta enfermedad afecta de manera más severa a poblaciones vulnerables como personas que viven con VIH y las que cursaron la COVID-19. La limitada eficacia de la vacuna BCG, junto con la aparición de cepas resistentes a múltiples medicamentos de elección, han incrementado la necesidad de desarrollar nuevas estrategias vacunales. En este contexto, las vacunas basadas en mRNA emergen como una alternativa prometedora debido a su diseño rápido, alta seguridad y adaptabilidad. En este estudio se diseñó *in silico* una vacuna multiepítipo de circRNA contra *Mycobacterium tuberculosis* (Mtb), basada en proteínas antigénicas expresadas en distintas fases de la infección.

Métodos: Se implementó una estrategia de trabajo a través de pangenómica, vacunología inversa e inmunoinformática, iniciando con la identificación de proteínas altamente antigénicas del patógeno. A partir de estas proteínas, se predijeron epítopos inmunogénicos de linfocitos T (HTL y CTL) y B mediante herramientas inmunoinformáticas.

La selección de epítopos se basó en puntuaciones de antigenicidad, toxicidad, alergenicidad y capacidad para inducir citocinas. Los epítopos seleccionados se ensamblaron con linkers específicos, también se incluyeron elementos clave para la funcionalidad del circRNA: una secuencia IRES, secuencia Kozak, señal tPA, adyuvantes (PSMa4 y RS-09) y otras secuencias para garantizar la eficacia de la vacuna. La construcción fue evaluada mediante herramientas bioinformáticas para analizar propiedades fisicoquímicas, solubilidad, y estructura secundaria y terciaria.

Resultados: Los resultados indicaron que la vacuna diseñada es altamente antigénica, no tóxica, no alergénica y estable a pH fisiológico, con una cobertura poblacional estimada del 88.5 %. Los análisis estructurales y fisicoquímicos del circRNA optimizado reveló una conformación estable, potencialmente eficiente en su traducción en células humanas.

Conclusión: En conclusión, los resultados indican que la vacuna diseñada posee propiedades inmunogénicas, estabilidad estructural y características bioquímicas óptimas, lo cual establece una base sólida para futuras validaciones *in vivo*.



REMexTB



CICESE

Área de investigación: **Ciencias de datos, bioinformática e inteligencia artificial**

DISEÑO DE PÉPTIDOS ANTIMICROBIANOS MEDIANTE INTELIGENCIA ARTIFICIAL Y SU CARACTERIZACIÓN POR RESONANCIA DE PLASMÓN SUPERFICIAL

Cabral-Venegas Valeria Areli ^{1-2*}; Madrigal- Melchor Jesús ² ;
Zambrano- de la Torre Misael ³ ; García-Menchaca Levi Esteban ³
; Rodríguez-Reyes Daniel Alberto ² ; Rivas- Santiago Bruno ¹.

¹. Instituto Mexicano del Seguro Social, Zacatecas, México. ². Unidad Académica de Ciencia y Tecnología de la Luz y la Materia, Universidad Autónoma de Zacatecas, Zacatecas, México.

³. Unidad Académica de Ingeniería Eléctrica, Universidad Autónoma de Zacatecas, Zacatecas, México. E-mail: vale.cabral.14@gmail.com

Introducción y objetivo: La tuberculosis sigue siendo un grave problema de salud pública, agravado por el aumento de cepas multirresistentes. Ante esta problemática, el proyecto se enfoca en el diseño de péptidos antimicrobianos específicos para *Mycobacterium tuberculosis*, utilizando Inteligencia Artificial (IA) para identificar y optimizar secuencias terapéuticas. Esta estrategia busca desarrollar alternativas innovadoras a los tratamientos convencionales.

Objetivo. Diseñar péptidos antimicrobianos basados en Machine Learning con uso de IA y probarlos in vitro directamente en *M. tuberculosis*

Métodos: La metodología será dividida en tres etapas. Etapa I: Se llevará a cabo la recopilación de bases de datos públicas de AMP. Posteriormente, se emplearán técnicas de Machine Learning basados en Support Vector Machine (SVM) y Random Forest (RF), para desarrollar un algoritmo que clasifique, diseñe y caracterice los AMPs. Etapa II: Una vez obtenidos los péptidos sintéticos, se procederá a realizar

pruebas de actividad antimicrobiana in vitro contra *M. tuberculosis*. Etapa III: Los AMP con actividad antimicrobiana se caracterizarán mediante la técnica óptica de Resonancia de Plasmón Superficial (SPR).

Resultados: Hasta el momento, se ha realizado la limpieza y curación de bases de datos públicas de péptidos, lo que permitió construir un primer modelo de clasificación con algoritmos de IA. Este modelo obtuvo un rendimiento prometedor, con un área bajo la curva ROC del 97%, lo que indica una alta capacidad predictiva para identificar péptidos con potencial antimicrobiano contra *M. tuberculosis*.

Conclusión. Estos resultados preliminares demuestran el potencial del uso de IA en el diseño racional de AMPs contra *M. tuberculosis*. La siguiente fase experimental permitirá validar su eficacia in vitro, acercándonos al desarrollo de nuevas terapias frente a cepas resistentes.



REMexTB



Área de investigación: **Ciencias de datos (Bioinformática e inteligencia artificial)**

Evidencia genómica de transmisión interestatal de tuberculosis en México

Mejía-Ponce Paulina M.^{1*}; Morey-León Gabriel ²; Perea-Jacobo Ricardo ³; González-Escalante Laura A. ⁴; Esguerra-Reyes Aurora ⁴; Silva-Herzog Eugenia ⁵; Enciso-Moreno J. Antonio ⁶; Zenteno-Cuevas Roberto ⁷; Licona-Cassani Cuauhtémoc ¹; Muñiz-Salazar Raquel ³.

¹Centro de Biotecnología FEMSA, Escuela de Ingeniería y Ciencias, Tecnológico de Monterrey

²Facultad de Ciencias de la Salud y Desarrollo Humano. Universidad ECOTEC. ³Universidad

Autónoma de Baja California. ⁴Centro de Investigación Biomédica del Noreste, Instituto

Mexicano del Seguro Social. ⁵Unidad de Vinculación Científica Facultad de Medicina UNAM-

INMEGEN, Instituto Nacional de Medicina Genómica (INMEGEN). ⁶Universidad Autónoma de

Querétaro. ⁷Universidad Veracruzana Unidad de Investigaciones Biomédicas de Zacatecas.

E-mail: paumayell@gmail.com

Introducción y objetivo. La identificación de grupos de transmisión de Tuberculosis (TB) es clave para su control, especialmente en contextos donde la resistencia a antibióticos va en aumento. Este estudio tuvo como objetivo identificar y caracterizar rutas de transmisión de *Mycobacterium tuberculosis* (*Mtb*) en 22 estados de México, a partir de 371 genomas completos de aislados clínicos colectados entre 1998 y 2023.

Métodos: Se analizaron 360 genomas que cumplieron con criterios de calidad, de los cuales 76 fueron secuenciados *de novo* en este estudio y el resto obtenidos de NCBI. Los grupos de transmisión se identificaron mediante el cálculo de distancias genéticas con MTBseq y Transflow. Este último también se empleó para reconstruir rutas de transmisión, integrando datos de localización geográfica y año de colecta.

Resultados: Se identificaron 39 grupos de transmisión: 17 conformados por tres o más cepas y 22 formados por pares. Los

dos grupos más grandes (n=25 y n=15) pertenecen al linaje 4.1.1.3, un linaje endémico de México previamente asociado con farmacoresistencia, e incluyen cepas clasificadas como multirresistentes (MDR) o pre-extensivamente resistentes (pre-XDR). Trece de los 39 grupos incluyen muestras de distintos estados, lo que evidencia transmisión interestatal. En total 13 de los 22 estados estudiados están involucrados en esta transmisión entre entidades. Además, el 79.5% de los grupos contienen al menos una cepa con perfil de farmacoresistencia.

Conclusión: La dispersión regional de cepas resistentes de *Mtb* en México refuerza la necesidad de integrar la vigilancia genómica a las estrategias de control de TB, no sólo para mejorar el diagnóstico local, sino también para anticipar y mitigar la transmisión entre estados.



REMexTB



Área de investigación: **Diagnóstico, Laboratorio para la tuberculosis. Bioseguridad**

ANÁLISIS DE LA RESPUESTA INMUNE HUMORAL DE PACIENTES CON TUBERCULOSIS PULMONAR CONTRA ANTÍGENOS DE *MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS*

García-García José Manuel ^{1*}; Díaz Antonio Irving ²; Castañeda-Casimiro Jessica ²; Vallejo-Castillo Luis ³; Hernández-Solís Alejandro ⁴; Wong-Baeza Isabel ²; Serafín-López Jeanet ².

¹. Facultad de ciencias Campus Ensenada, Universidad Autónoma de Baja California, Ensenada, Baja California. México ². Departamento de Inmunología, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas (ENCB), Instituto Politécnico Nacional (IPN), Ciudad de México, México.

³. Unidad de Desarrollo e Investigación en Bioterapéuticos (UDIBI), ENCB, IPN, Ciudad de México, México. ⁴. Servicio de Neumología del Hospital General de México "Dr. Eduardo Liceaga", Secretaría de Salud, Ciudad de México, México. E-mail: jserafinl@ipn.mx

Introducción y objetivo. La tuberculosis (TB) es una enfermedad que es considerada un problema de salud pública. *Mycobacterium tuberculosis* (M. tb) es el agente etiológico de esta enfermedad y actualmente se considera que la respuesta inmune humoral contra esta bacteria pudiera ayudar al control de la TB. Tomando en cuenta lo anterior el objetivo del presente trabajo es evaluar la reactividad de las diferentes clases de anticuerpos contra los antígenos de Mtb que presentan los pacientes con TB pulmonar activa (TBA) antes y después de 6 meses postratamiento (TBT)

Métodos. Se evaluó la presencia de anticuerpos de las clases IgG, IgA e IgM anti-extracto soluble de Mtb por la técnica de ELISA en muestras de suero

de pacientes con TBA y pacientes TBT e individuos sanos.

Resultados. Los pacientes con TBA presentan mayores niveles de anticuerpos (IgA, IgG e IgM) específicos contra Mtb en comparación con los individuos sanos. Además, se demostró que la presencia de IgG disminuye significativamente en los pacientes TBT, mientras las inmunoglobulinas IgM e IgA se mantiene a niveles similares en los pacientes con TBA y TBT.

Conclusión. Las diferencias en reactividad de los anticuerpos específicos contra Mtb pudiera ser útil para complementar el diagnóstico de TB pulmonar activa o el seguimiento al tratamiento.



REMexTB



Área de investigación: **Diagnóstico, laboratorio para la tuberculosis, bioseguridad**

**CARACTERIZACIÓN BIOQUÍMICA DE UN GLICOANTÍGENO
RECOMBINANTE QUIMÉRICO DE *Mycobacterium tuberculosis* PRODUCIDO
EN *Pichia pastoris* (*Komagataella phaffii*)**

Mesa- Lozano Laura Nataly ^{1,2*}; Trujillo- Roldán Mauricio Alberto ².

¹. Posgrado en Ciencias Bioquímicas, UNAM, Unidad de Posgrado, Edificio D, 1° Piso, Circuito de Posgrados, Ciudad Universitaria, Coyoacán CDMX, C.P. 04510, México. ². Centro de Nanociencias y Nanotecnología, UNAM, Km 107 Carretera, Tijuana-Ensenada, Baja California, 22860, México.* E-mail: nataly.mesa@comunidad.unam.mx

Introducción y objetivo. La tuberculosis (Tb) pulmonar producida por *Mycobacterium tuberculosis* (*Mtb*), es una enfermedad que puede prevenirse y curarse. Se sospecha que al menos un tercio de la población mundial está infectada con Tb, por lo que es importante tener mecanismos de detección bien establecidos. Por lo tanto, es clara la necesidad de una prueba diagnóstica rápida, específica y exacta. Los antígenos ESAT-6, CFP10 y APA de *Mtb* han sido ampliamente estudiados por su potencial para el desarrollo de herramientas diagnósticas sensibles para la detección de la infección por *Mtb*. Aprovechando las virtudes de estos, se trabajó con una proteína quimérica recombinante triantigénica producida en *P. pastoris* (*Komagataella phaffii*) por las modificaciones postraduccionales que pueden obtenerse, las cuales imitan la estructura de los antígenos de *Mtb*. El objetivo de este proyecto es caracterizar bioquímicamente esta proteína recombinante y evaluar si es posible desarrollar pruebas rápidas, eficaces y confiables para la detección temprana de la infección.

Métodos. Se caracterizó la cinética de producción en matraces bafleados para

P. pastoris. Se caracterizó el reconocimiento por anticuerpos para los tres antígenos que componen la quimera por medio de Western-Blot. Su peso molecular por SDS-PAGE y análisis de masas MALDI-TOF, se realizó cromatografía de exclusión molecular SEC para evaluar su pureza y se analizó por Dicroísmo circular (DC) y por calorimetría diferencial de barrido (DSC). Se va a evaluar su capacidad antigénica por medio de análisis de ELISA con sueros de pacientes con Tb confirmada.

Resultados. Se obtuvo la quimera triantigénica con varias isoformas. Se identificaron los antígenos por medio del ensayo de Western-Blot. El peso molecular de sus isoformas se encuentra entre 66 y 70 KDa, teniendo en cuenta el análisis de masas y SDS-PAGE. Por los análisis de desnaturalización térmica con las técnicas de DC y DSC, se observó que la proteína se despliega al desnaturalizarse térmicamente, pero vuelve a plegarse una vez desciende la temperatura.

Conclusión. Se obtuvo la quimera triantigénica compuesta por los antígenos ESAT-6, CFP10 y APA, se ha observado que tiene isoformas y que presenta estabilidad ante la desnaturalización térmica.



REMexTB



CICESE

Área de investigación: **Diagnóstico, Laboratorio para la tuberculosis. Bioseguridad**

DETECCIÓN ACTIVA DE CASOS DE TUBERCULOSIS EN LA POBLACIÓN PRIVADA DE LIBERTAD EN BAJA CALIFORNIA MEDIANTE INTELIGENCIA ARTIFICIAL Y TECNOLOGÍA GENÓMICA

Robles-Flores Javier ^{1*}; Muñiz-Salazar Raquel ¹; Flores Gutiérrez Dora-Luz ²; Villarreal-Gómez Luis Jesús ³; Laniado-Laborín Rafael ⁴; Chávez-Méndez José Román ⁵; Sánchez-Pérez Héctor Javier ⁶; García-Sánchez Luis Alberto ⁷; Garfein Richard S. ⁸; Rodwell Timothy ⁸

¹ Escuela de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma de Baja California. ² Facultad de Ingeniería, Arquitectura y Diseño, Universidad Autónoma de Baja California. ³ Facultad de Ciencias de la Ingeniería y Tecnología, Universidad Autónoma de Baja California. ⁴ Facultad de Medicina y Psicología, Universidad Autónoma de Baja California. ⁵ Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma de Baja California. ⁶ Departamento de Salud, Colegio de la Frontera Sur (ECOSUR) ⁷ Programa de Micobacteriosis, Secretaría de Salud, Tijuana, Baja California. México ⁸ Facultad de Medicina, División de Salud Pública Global, Universidad de California en San Diego (UCSD) E-mail: flores30883@uabc.edu.mx

Introducción y objetivo. La tuberculosis (TB), causada por *Mycobacterium tuberculosis*, presenta alta prevalencia en contextos penitenciarios, donde su incidencia puede ser hasta 100 veces mayor que en la población general. El hacinamiento y las deficiencias sanitarias convierten a estos entornos en focos de transmisión. Tecnologías como la inteligencia artificial (IA) y la secuenciación genómica permiten mejorar el diagnóstico y la vigilancia de la TB en poblaciones vulnerables. El objetivo es diagnosticar oportunamente casos de TB pulmonar activa en personas privadas de libertad en centros penitenciarios de Baja California mediante radiografías de tórax analizadas por IA, y caracterizar los aislados clínicos mediante secuenciación genómica.

Métodos. Estudio transversal prospectivo (marzo–agosto 2025) que contempla el tamizaje de personas con síntomas respiratorios, conforme a los criterios W4SS (tos, fiebre, pérdida de peso y sudoración nocturna) recomendados por la OMS, en dos centros penitenciarios de Baja California. Las radiografías serán analizadas con el

software MIA-TB-Rx UABC v2.0, basado en redes neuronales convolucionales. A los casos positivos se les tomará esputo para baciloscopía, cultivo, GenXpert y secuenciación con MinION. El análisis bioinformático incluirá control de calidad, remoción de contaminantes, evaluación de linajes, mutaciones de resistencia y patrones de transmisión.

Resultados preliminares. Se han recolectado 689 muestras clínicas de esputo: 358 en el Centro Penitenciario de La Mesa y 331 en El Hongo I y II. Todas las muestras cuentan con baciloscopía y radiografía. Se han identificado cuatro casos positivos con GeneXpert MTB/RIF Ultra. La secuenciación está en curso. La información se integra en una base de datos que permitirá correlacionar hallazgos clínicos, radiológicos, moleculares y epidemiológicos.

Conclusión. La combinación de IA y diagnóstico molecular mejora la detección de TB en prisiones y fortalece la vigilancia y el control de la enfermedad en poblaciones altamente vulnerables.



REMexTB



Área de investigación: **Diagnóstico, laboratorio para la TB y Bioseguridad**

**DETECCIÓN DE MATERIAL GENÉTICO DE *Mycobacterium tuberculosis*
USANDO MUESTRAS DE LA MUCOSA BUCAL Y PCR EN PUNTO FINAL:
resultados preliminares**

Martínez- Valderrama Emely Guadalupe ^{1*}; Gómez-Velasco
Anaximandro ¹ ; Datta- Banik Sudip ¹; Ibarra- Cerdeña Carlos
Napoleón¹; Molina- Salinas Gloria María ²; Guzmán- Beltrán Silvia ³

¹. Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional, Unidad Mérida, Departamento de Ecología Humana. ².Unidad de Investigación Médica Yucatán, Instituto Mexicano del Seguro Social, Mérida México. ³Departamento de Microbiología, Instituto Nacional de Enfermedades Respiratorias "Ismael Cosío Villegas".

E-mail: emely.martinez@cinvestav.mx

Introducción y objetivo. La disponibilidad de métodos alternativos para el diagnóstico de la tuberculosis (TB), basado en muestras no invasivas, es necesario para la prevención y control de la transmisión de la enfermedad. El objetivo de este estudio es evaluar la detección de material genético de *Mycobacterium tuberculosis* usando muestras de la mucosa oral y PCR en punto final en niños y adultos.

Métodos. Se recolectaron muestras de la mucosa bucal de individuos que tuvieron contacto cercano a una persona diagnosticada con TB. La detección de *M. tuberculosis* se realizó con dos marcadores genéticos (IS6110 y *rpbO*) usando PCR en punto final, verificándose el tamaño de los amplicones mediante electroforesis en gel de agarosa al 1.5%.

Resultados. Se han analizado 59 muestras, de las cuales 33 (44%) correspondieron a niños y 26 (56%) a adultos. Del total de muestras analizadas, en 18 (30.5%) se detectó material genético de *M. tuberculosis*. De las muestras positivas, 8 (44.4%) correspondieron a niños y 10 (56.4%) a adultos. El porcentaje de positividad en niños fue de 24.2% y en adultos fue de 38.4%. El costo estimado por muestra es de \$600.89.

Conclusión. A partir de muestras de la mucosa oral de niños y adultos se ha podido amplificar secuencias de *M. tuberculosis*.



REMexTB



Área de investigación: **Diagnóstico, laboratorio para la tuberculosis y bioseguridad**

EVALUACIÓN COMPARATIVA DE CULTIVO BACTEC™MGIT Y ANYPLEX™ II MTB/MDR/XDR PARA LA DETECCIÓN DE TUBERCULOSIS

Ituarte-Núñez Alejandro ^{1*}; Yee- Martínez Neiba Gisela ¹;
Téllez- Lorenzo Susana ¹

¹Laboratorio Estatal de Salud Pública de Baja California. E-mail: alejandro.ituarte@uabc.edu.mx

Introducción y objetivo. México utiliza varias metodologías para realizar el diagnóstico de *Mycobacterium tuberculosis*, siendo cultivo el estándar de oro debido a su alta sensibilidad. Sin embargo, el tiempo para emitir un resultado varía de 1 a 6 semanas, por lo que el presente estudio busca comparar ambos métodos con la finalidad de disminuir el tiempo de diagnóstico.

Métodos. El muestreo fue prospectivo, analítico simple y probabilístico aleatorio simple. Se analizaron 64 muestras de esputo de enero a junio del 2025 recibidas en el Laboratorio Estatal de Salud Pública de Baja California para ensayo pareado de cultivo BACTEC™MGIT contra Anyplex™ II MTB/MDR/XDR Detection para la detección de *Mycobacterium tuberculosis*. Ambos análisis se realizaron según las especificaciones indicadas por los fabricantes.

Resultados. El acuerdo observado entre ambas metodologías fue de 95.31%,

con un índice Kappa 0.9022 (IC 95%, 0.7943-1.0000). Una sensibilidad de 96.00% (IC 87.55-100.00) y especificidad de 94.87% (IC 87.78-100.00). El VPP fue de 92.31% (IC 81.79-100.00) y el VPN de 97.37% (IC 91.78-100.00). Cultivo detectó una resistencia a pirazinamida (Anyplex II no determina Pirazinamida) y a Isoniacida. Anyplex II detectó 2 muestras con resistencia a Isoniacida (Con resultado inválido en cultivo) y una a Rifampicina.

Conclusión. Anyplex™ II TMB/MDR/XDR Detection no compromete la sensibilidad ni especificidad en la detección de TB, su implementación en casos de diagnóstico inicial o diagnóstico por sospecha de recaída es una gran alternativa ya que ofrece la oportunidad de detectar CMBT y resistencia a Rifampicina, Isoniacida, Fluoroquinolona, y drogas inyectables en un sólo análisis que puede emitir resultado en un día, logrando un diagnóstico oportuno para un tratamiento adecuado.



REMexTB



CICESE

Área de investigación: **Diagnóstico, laboratorio para la tuberculosis y bioseguridad**

Evaluación de la potencia y seguridad de la vacuna BCG en cobayas como modelo experimental

Kim Seula ¹ ; González Ruiz Sara ^{1*}; Milián Suazo Feliciano ¹;
Bárceñas Reyes Isabel ¹; Sosa Gallegos Susana Lucía ¹;
Flores Villalva Susana ²

¹. Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Autónoma de Querétaro. ². Centro Nacional de Investigación Disciplinaria en Salud Animal e Inocuidad (CENID SAI).
E-mail: sara.gonzalez@uaq.mx

Introducción y objetivo. La tuberculosis bovina constituye un desafío persistente para el sector ganadero nacional, generando pérdidas económicas significativas, incluyendo el cierre de mercados internacionales para el ganado y sus derivados. Ante esta problemática, resulta imperativo explorar alternativas eficaces para reducir y controlar la prevalencia de la enfermedad. La vacunación con BCG se presenta como una opción prometedora; sin embargo, es fundamental evaluar la seguridad y la potencia de la vacuna en el modelo cobayo para, consecuentemente, determinar su uso en el ganado bovino.

Métodos. Se utilizaron 25 cobayas *Cavia porcellus*, raza Hartley. Se distribuyeron en 5 tratamientos y un control. Prueba de seguridad: se inocularon por vía SC a una dosis de 5×10^5 UFC y se observaron durante 4 semanas para identificar signos de bienestar animal. Prueba de potencia: se realizó la prueba intradérmica de tuberculina posvacunación y se realizó la lectura de la reacción dérmica para determinar el porcentaje de reactividad antigénica. Se

llevó a cabo un análisis descriptivo de las variables peso y temperatura, además de la presencia y/o ausencia de lesiones; y ANOVA con un valor de $p \leq 0.05$ para determinar diferencia significativa de las medias de los tratamientos utilizados.

Resultados. No hubo diferencias estadísticas ($p > 0.05$) entre los grupos para la variable peso, lo que indica que, sin importar el tratamiento, la vacuna BCG es segura y no produce disminución de peso. De igual forma, las cobayas mostraron buen apetito y no se observaron signos de enfermedad. La determinación de la reactividad antigénica se realizó con las lecturas del PPD-bovino y el resultado se interpretó con base al grupo que recibió la dosis 1×10^6 UFC. Se obtuvo una reactividad antigénica del 90%.

Conclusión. Los resultados sugieren que la vacuna es inocua y confiere protección a las cobayas (modelo experimental) mostrando una reactividad antigénica del 90%.



REMexTB



CICESE

TUBERCULOSIS
y otras
MICOBACTERIOSIS
2025

Área de investigación: **Diagnóstico, laboratorio para la tuberculosis y bioseguridad**

**EVALUACIÓN NUEVA PLATAFORMA MOLECULAR PARA LA DETECCIÓN
DE *Mycobacterium tuberculosis* y RESISTENCIA ANTIBIÓTICA COMO
ALTERNATIVA DE DIAGNÓSTICO EN ZONAS DE ALTA
DEMANDA ANALÍTICA**

Yee- Martinez Neiba Gisela ^{1*}; Tellez- Lorenzo Susana ²;
Ituarte-Núñez Alejandro ¹

¹. Laboratorio Estatal de Salud Pública de Baja California ². Afiliación independiente
E-mail: neiba.yeemz@gmail.com

Introducción y objetivo. La tuberculosis (TB) es una enfermedad infecciosa causada por *Mycobacterium tuberculosis*, que afecta principalmente los pulmones y se transmite por el aire. En México se reporta alrededor de 28,000 casos anuales, donde destaca Baja California con 63.5 mcasos por cada 100,000 habitantes, una tasa superior a la media nacional, donde se requiere fortalecer la capacidad diagnóstica oportuna debido a la alta prevalencia por lo que el presente estudio compara el rendimiento diagnóstico de Xpert MTB/RIF Ultra contra la plataforma Anyplex™ II MTB/MDR/XDR Detection.

Métodos. El muestreo fue prospectivo, analítico y probabilístico aleatorio simple. El tamaño muestra fue 110 determinaciones para cada prueba diagnóstica recibidas de enero a marzo del 2025 del Laboratorio Estatal de Salud Pública de Baja California. Se sometieron a ensayo molecular pareado en las plataformas Xpert MTB/RIF Ultra contra Anyplex™ II MTB/MDR/XDR Detection para la detección e interpretación de *Mycobacterium tuberculosis* se realizó siguiendo las indicaciones de los fabricantes respectivamente.

Resultados. El acuerdo observado entre Anyplex™ II MTB/MDR/XDR Detection y Xpert MTB/RIF Ultra fue de 96.36% con un índice Kappa de 0.92 (IC 95%; 0.8441 - 0.9970 y p<0.01). La sensibilidad general para Anyplex™ II MTB/MDR/XDR Detection fue del 94.87% (IC 86.67 - 100.00), VPP de 94.87% (IC 86.67-100.00). Se detectó el 100% concordancia en la detección de Rifampicina. Anyplex™ II MTB/MDR/XDR detectó 2 resistencias a Isoniacida y 1 resistencia a Fluoroquinolona, representando el 5.13% y 2.56% de las muestras positivas respectivamente.

Conclusión. La plataforma Anyplex™ II MTB/MDR/XDR presenta alta sensibilidad y especificidad para la detección de TB, siendo capaz de identificar resistencia a fármacos de primera línea, segunda línea e inyectables. Su diseño flexible favorece su implementación en contextos de alta demanda analítica, contribuyendo a un diagnóstico oportuno y eficaz en poblaciones vulnerables y regiones de alta prevalencia.



REMexTB



CICESE

Área del artículo: **Diagnóstico, laboratorio para la tuberculosis y bioseguridad**

PAPEL DE MICOBACTERIAS AMBIENTALES SOBRE LA EFICACIA DE LA VACUNA CONTRA LA TUBERCULOSIS BOVINA

González Ramírez Roberto ¹; González Ruiz Sara ¹; Milián
Suazo Feliciano ¹; Bárcenas Reyes Isabel ¹; Sosa Gallegos
Susana Lucía ¹; Vera Ávila Héctor Raymundo ¹

¹. Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Autónoma de Querétaro.

E-mail: sara.gonzalez@uaq.mx

Introducción y objetivo. La tuberculosis bovina, causada por *Mycobacterium bovis*, es una zoonosis de importancia económica y en salud pública. Su diagnóstico se realiza mediante pruebas con PPD-*bovis* y PPD-*avium*, aunque micobacterias ambientales pueden interferir en los resultados. Para mejorar la precisión, se evalúa la respuesta inmunitaria mediante la detección de IFN-, que permite diferenciar entre exposición a *M. bovis* y a otras micobacterias, por lo que el objetivo del presente trabajo fue descartar la presencia de micobacterias ambientales a través de la detección de IFN- en respuesta a PPD-*bovis* y PPD-*avium*.

Métodos. Se seleccionó un grupo de caprinos libres de tuberculosis mediante el kit de diagnóstico ID Screen®. Estos animales fueron divididos al azar en cinco grupos de siete animales cada uno, cuatro grupos vacunados con BCG, y un grupo sin vacunar usado como control. Se tomaron muestras de sangre cada dos a tres semanas por un periodo de 7 meses, esta sangre fue estimulada con los antígenos PPD-*bovis* y PPD-*avium* para medir la concentración de IFN- con el kit Bovigam®; Prionics AG, USA.

Resultados. Los resultados demuestran que la respuesta de IFN- al estímulo de células sanguíneas periféricas con el antígeno específico PPD-*bovis*, fue mayor que la obtenida al estímulo con PPD-*avium*, en los animales vacunados en comparación al grupo control, cuando todos fueron desafiados con una cepa de campo de *M. bovis*. De igual manera, el promedio general de respuesta después del desafío de todos los grupos vacunados fue significativamente superior cuando el estímulo se hizo con PPD-*bovis* que cuando se hizo con PPD-*avium*, en comparación al grupo control.

Conclusión. La participación de micobacterias ambientales sobre la respuesta a la vacuna en este experimento fue baja o nula y no tuvo influencia sobre la eficacia de la vacuna.



REMexTB



CICESE

Área del artículo: **Epidemiología de la tuberculosis**

**Distribución espacial del tratamiento de tuberculosis pulmonar y su
relación con los estratos del Índice Rezago Social en México
en el periodo 2000-2017**

Reyes Cisneros Aldo ^{1*}; Castañeda Cediel M Lucia ²

¹. IMSS. MD MsC Salud pública. ². Consultora independiente, Geógrafa.
E-mail: dr.aldocisneros@gmail.com

Introducción y objetivo. En México, la tasa de incidencia de tuberculosis pulmonar (TBP) se ha mantenido constante en las últimas décadas por lo que es necesario promover investigación e innovación, lo que representa una oportunidad para incluir los sistemas de información geográfica (SIG). El objetivo de este proyecto es describir la distribución espacial del resultado del tratamiento de acuerdo con los estratos del índice de rezago social durante el periodo 2000-2017.

Métodos. Estudio ecológico, observacional descriptivo en el que los casos de TBP y éxito de tratamiento fueron obtenidos de la base de programas preventivos y control de enfermedades (CENAPRECE) del periodo 2000 a 2017 y los estratos del IRS de la base de datos publicadas por el CONEVAL para periodos quinquenales; espacialmente, los casos fueron vinculados al nivel municipal del Marco Geoestadístico del INEGI mediante paquetes especializados para posteriormente realizar análisis espacial.

Resultados. Del año 2000 al año 2017 se presentó mayor porcentaje de éxito en zonas con RS muy alto en comparación con el estrato muy bajo. El porcentaje de éxito en el tratamiento está por debajo del promedio que requiere la OMS (85%). Por otro lado, el fracaso del tratamiento para TBP se presenta en mayor porcentaje en el estrato muy bajo de IRS en comparación con el estrato muy alto. Mayor probabilidad de morir por TBP se encuentra vinculada a mayor rezago social.

Conclusión. En el nivel nacional, no se han cumplido los objetivos de la estrategia Fin a la TB, especialmente en las zonas más pobladas con bajas tasas de éxito y como consecuencia se prevé un aumento continuo de los pacientes retratados, con el riesgo de que puedan desarrollar MDR o XMDR.



REMexTB



Área de investigación: **Epidemiología de la tuberculosis**

Distribución geográfica de secuencias genómicas de *M. tuberculosis* en bases de datos públicas para un análisis filogenómico

Ramírez-Higuera Ronaldo ^{1*}; Álvarez-Maya Ikuri ¹, Vázquez-Chacón Carlos Arturo ²; Martínez- Guarneros Armando ²; y Martínez-Urtaza Jaime ³

¹ Biotecnología Médica y Farmacéutica, Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco (CIATEJ), México. ² Instituto de Diagnóstico y Referencia Epidemiológicos (InDRE), México. ³ Departamento de Genética y Microbiología, Facultat de Biociències, Universitat Autònoma de Barcelona, España. E-mail: roramirez_al@ciatej.edu.mx

Introducción y objetivo. La dinámica de transmisión de *Mycobacterium tuberculosis* (MTB) define la manera en tiempo y espacio en que se transmite, y puede indicar el comportamiento y las propiedades de la compleja relación entre el patógeno y huésped. Esta variable es de relevancia para la epidemiología molecular y en conjunto con otras herramientas, se puede utilizar para conocer qué impacto tendrá dicho patógeno en la sociedad a nivel local, nacional o mundial.

Métodos. Se eligieron dos bases de datos públicas a nivel global para identificar el origen geográfico y la fecha de colección de cada aislado del estudio la National library of medicine (National Center of biotechnology information) <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/> y la ENA (European Nucleotide Archive) <https://www.ebi.ac.uk/ena/browser/home>. Mediante el código de cada aislado se obtuvo la información de la secuencia y su localización geográfica (el país, en caso de que el aislado sea de alguna región del mundo, o bien, el estado correspondiente, si el aislado es de México). La fecha de colección se tomó de forma similar.

Resultados. Origen Geográfico. De un total de 503 aislados, las cepas de México correspondieron al 38.96% (196) mientras que de otros países son el 59.84% (301), los aislados no localizados fueron solo el 1.1% (6). Fecha de colección de aislados correspondientes a México. De los 503 aislados disponibles en la base de datos, se localizaron 382 fechas de colección de aislados, de las cuales, 195 (51%) pertenecen a México. La distribución de la frecuencia porcentual de cada fecha fue la siguiente: 1998 (9.23%), 1999 (2.05%), 2013 (55.90%), 2014 (10.77%), 2015 (3.08%), 2016 (1.54%), 2017 (1.03%), 2018 (12.31%), 2019 (3.59%) y 2023 (0.51%) Se evaluó la frecuencia porcentual de la droga-resistencia.

Conclusiones. El origen geográfico y la fecha de colección de los aislados de las cepas proporcionaron información útil para el posible estudio filogenómico, sin embargo, existen inconsistencias en las bases de datos que pudieran requerir una búsqueda adicional.



REMexTB



CICESE

Área de investigación: **Epidemiología de la tuberculosis**

FACTORES ASOCIADOS CON EL DIAGNÓSTICO DE TUBERCULOSIS ENTRE PACIENTES VIH NEGATIVOS CON SÍNTOMAS COMPATIBLES CON LA ENFERMEDAD EN ,COLIMA, MÉXICO

De la Cruz-Ruiz, Miriam ^{1, 2*}; Delgado-Enciso, Iván ^{1, 3};
Ramírez-Cruz, José Carlos ⁴; Cuevas-Rodríguez, Esaul ⁵

¹. Universidad de Colima, ². Servicios de Salud IMSS Bienestar Colima ³. Secretaría de Salud Colima ⁴. Universidad de Guadalajara ⁵. IMMS Colima E-mail: ffrescky@hotmail.com

Introducción. En México, la incidencia de la tuberculosis todas las formas en 2022 fueron de 18.5%. La tuberculosis pulmonar es la principal forma presentada (81%). La proporción de personas afectadas por tuberculosis por sexo es de 63% hombres y 37% mujeres. En cuanto a la incidencia de tuberculosis pulmonar en México es de 14.9. La principal enfermedad que se presenta en los pacientes que padecen tuberculosis es la DM2 (30%), desnutrición (15%), tabaquismo (15%) y alcoholismo (14%); sin embargo, no se ha explorado la asociación de la presencia de comorbilidades con el riesgo de padecer tuberculosis. Por lo anterior, el objetivo del estudio es determinar los factores asociados con el diagnóstico de tuberculosis entre pacientes VIH negativos con síntomas compatibles con la enfermedad.

Método. Estudio de casos y controles, donde se analizaron los datos de la plataforma nacional de tuberculosis de los años 2019 y 2023 del estado de Colima, incluyendo variables sociodemográficas y de comorbilidades. Los casos serán los sujetos confirmados con tuberculosis. Se

excluirán pacientes con diagnóstico de VIH. Los casos se estratificaron según el tipo de tuberculosis. La asociación se realizó con análisis de regresión logística multivariada, expresando RO, IC95%.

Resultados. Durante 2019-2023 se analizaron 771 pacientes VIH negativos (415 casos confirmados, 354 controles). La tos productiva mostró asociación consistente con tuberculosis (OR promedio: 7.64, rango: 6.18-9.43, $p < 0.05$). La fracción atribuible poblacional fue 82.8%. Predominó tuberculosis pulmonar (93.3%) con incremento progresivo de formas extrapulmonares. El 29.1% de los casos podrían estar relacionados con el consumo de alcohol.

Conclusión. La tos productiva es el factor predictivo más importante y consistente para tuberculosis bacteriológicamente confirmada en pacientes VIH negativos. El 82.8% de casos son atribuibles a este síntoma, representando una herramienta diagnóstica de alto valor para programas de control.



REMexTB



CICESE

TUBERCULOSIS
y otras
MICOBACTERIOSIS
2025

Área de investigación: **Epidemiología de la Tuberculosis**

Modelado y Pronóstico de Casos Semanales de Tuberculosis Respiratoria en Baja California para 2025 Utilizando ARIMA

Esquivel Clarisa ^{1*}, Barragán González Jorge ¹, Gastelum Nieblas Grettell ¹, Mayoral Zazueta Kate ¹, Montes Valdez Dana ¹, Tellez Rodriguez César ¹, Patiño Mandujano Efraín ¹, Chávez Cruz Karla ¹ ; Harvey-Vera Alicia ¹

¹Universidad Xochicalco, Facultad de Medicina, Campus Tijuana, Área Clínica
E-mail: clarisaesquivel0126@gmail.com

Introducción y Objetivo: La tuberculosis (TB) activa continúa representando un desafío crítico de salud pública^{1,2}. El contar con herramientas de pronóstico robustas resulta fundamental para la planificación estratégica. Así comprobamos la utilidad del modelo ARIMA (Media Móvil Integrada Autorregresiva) ³ por su versatilidad y capacidad de capturar patrones subyacentes y dependencias dentro de los datos. Proponemos evaluar el potencial del modelo ARIMA para predecir los casos semanales de TB respiratoria en el estado de Baja California durante el año 2025.

Métodos: Análisis de datos secundarios del año 2024 provenientes de los reportes de las Semana Epidemiológica publicados por la Secretaría de Salud de México. La variable dependiente: número de casos semanales de TB respiratoria, y variable independiente: semana epidemiológica correspondiente. A través del Modelador Experto de SPSS versión 274, se identificó el modelo ARIMA con mejor ajuste para la serie temporal analizada.

Resultados: Se obtuvo un R² estacionario de 0.156, un RMSE de 10.856 y un MAPE de 26.74. El análisis de residuos no evidenció autocorrelación significativa, y la prueba de Ljung-Box con una t de 11.065 (gl = 17), con un valor p no significativo (p = 0.853), lo que respalda la validez del modelo. Con base en estos resultados, se generaron pronósticos para los próximos 12 meses.

Conclusión: Estos hallazgos sugieren que el modelo ARIMA puede ser una herramienta útil para fortalecer la planeación en salud pública, permitiendo anticipar la carga de enfermedad, optimizar la asignación de recursos diagnósticos y terapéuticos, y apoyar el diseño de estrategias de control más eficaces para la tuberculosis en Baja California.



REMexTB



Área de investigación: **Epidemiología de la tuberculosis**

Presencia de comorbilidades y su asociación a la resistencia antimicrobiana de tuberculosis, en un centro de referencia nacional en la región del bajo y norte del país.

Rodríguez-Carlos Adrián ^{1*}; Trujillo-Paez Juan Valentin ²;
Nuñez-Contreras Jesús ¹; Regalado-Rodríguez Mauricio ³;
Rivas-Santiago Bruno ¹

¹ Unidad de Investigaciones Biomédica-Zacatecas-IMSS, Instituto Mexicano del Seguro Social, Zacatecas 98000, México. ² CONAHCYT- Unidad de Investigaciones Biomédica-Zacatecas-IMSS, Instituto Mexicano del Seguro Social, Zacatecas. ³ Maestría en Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma de Zacatecas. E-mail: rdz.carlos09@hotmail.com

Introducción. Aunque la Tuberculosis es prevenible y generalmente curable, esta infección representa la primera causa de muerte por un solo agente infeccioso. La interrupción de los servicios de salud pública causada por la pandemia de COVID-19, revirtió a nivel mundial los avances graduales que se habían logrado en la reducción de la mortalidad y la incidencia de tuberculosis farmacorresistente (TBFR) causando estragos que a la fecha no se han determinado completamente.

Objetivo. Determinar la presencia de comorbilidades y su asociación a la resistencia antimicrobiana de tuberculosis en el 2022.

Material y métodos. Un total de 480 casos diagnosticados a través diagnóstico molecular (PCR), mediante cultivo microbiológico, aislamiento de *M. tuberculosis* y prueba de susceptibilidad a fármacos, emitido por UIBMZ-IMSS en el laboratorio de vigilancia epidemiológica durante el periodo de enero a diciembre del 2022.

Resultados: Se analizaron 480 casos diagnosticados con tuberculosis en México en año 2022, con un 46.88% mostrando resistencia antimicrobiana. La resistencia más común fue a la estreptomycin (11.67%), seguida de la pirazinamida (6.46%), mientras que la resistencia a la isoniazida y etambutol fue menor. Se encontró que un 5.63% de los casos muestra resistencia a más de tres fármacos. La tuberculosis resistente está asociada a comorbilidades como la inmunosupresión y el consumo de drogas.

Conclusiones. El presente estudio enfatiza la necesidad de ajustar las políticas de salud para el control de la tuberculosis farmacorresistente, enfocado en poblaciones vulnerables, principalmente en personas inmunosuprimidas o con adicciones.



REMexTB



Área de investigación: **Esquemas de tratamiento y nuevas terapias**

DOSIFICACIÓN DE PRECISIÓN BASADA EN MODELOS DE RIFAMPICINA E ISONIACIDA Y SU APLICABILIDAD CLÍNICA EN PACIENTES CON TUBERCULOSIS ACTIVA

Gutiérrez-Lozano Citlali ^{1*}; Velarde-Salcedo Rodrigo ²,
Espiricueta-Zavala Luz Alejandra ²; Sánchez-Durán Diego ¹;
Ortiz-Álvarez Arturo ¹; Huerta-García Ana Patricia ²; Rodríguez-
Pinal Cristian Jazmín ²; Milán-Segovia Rosa del Carmen ²;
Romano-Moreno Silvia ²; Medellín-Garibay Susanna Edith ²

¹. Hospital Regional de Alta Especialidad "Dr. Ignacio Morones Prieto", San Luis Potosí. ². Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Autónoma de San Luis Potosí.

E-mail: a341597@alumnos.uaslp.mx

Introducción y objetivo. Rifampicina (RIF) e isoniazida (INH) son los principales bactericidas del Tratamiento Acortado Estrictamente Supervisado (TAES) contra la Tuberculosis (TB) activa. Ambos fármacos muestran una amplia variabilidad farmacocinética y un estrecho margen terapéutico lo que los hace candidatos a individualización mediante dosificación de precisión basada en modelos (MIPD), como estrategia para mejorar la respuesta al tratamiento. El objetivo fue individualizar y optimizar el tratamiento antituberculoso con base a MIPD de RIF e INH en pacientes bajo esquema TAES.

Métodos. Se realizó un estudio prospectivo en pacientes con TB bajo la fase intensiva del esquema TAES a los cuales se les extrajeron muestras de sangre venosa 2 y 4 horas postdosis para la cuantificación de las concentraciones plasmáticas de INH y RIF mediante cromatografía líquida acoplada a espectrometría de masas y la determinación del fenotipo acetilador mediante la genotipificación de NAT2 por PCR en tiempo real. Se realizó la estimación bayesiana de los parámetros farmacocinéticos mediante el software

NONMEM para posteriormente proponer esquemas de dosificación individualizados con la finalidad de alcanzar concentraciones terapéuticas.

Resultados. Se incluyeron 62 pacientes con diagnóstico de TB bajo el esquema estándar del TAES, de los cuales 58.5% presentó fenotipo acetilador lento. Las concentraciones plasmáticas más bajas de INH y RIF se relacionaron con falla terapéutica, en comparación con los pacientes clasificados con éxito clínico temprano [1.9 vs 3.7 mg/L y 16.9 vs 10.0 mg/L ($p < 0.05$), respectivamente], lo cual se relacionó con la necesidad de ajustar la dosis de los fármacos antituberculosos en más del 50% de los pacientes. La dosificación bayesiana se validó tras la individualización mediante la cuantificación e interpretación de las concentraciones plasmáticas de INH y RMP, acompañada de un seguimiento médico estrecho.

Conclusión. Se demostró la utilidad clínica de la MIPD para individualizar la dosis de los fármacos antituberculosos y mejorar los resultados clínicos en las etapas iniciales de la TB activa en población mexicana.



REMexTB



Área de investigación: **Esquemas de tratamiento y nuevas terapias**

EFFECTO CLÍNICO Y BACTERIOLÓGICO DEL ÁCIDO ASCÓRBICO EN PACIENTES CON TUBERCULOSIS PULMONAR.

Plata-Cibrián ^{1*}; Yancarlos Ismael ¹

¹. Médico Adscrito al departamento de epidemiología de la dirección de Salud Pública, de los Servicios de Salud de Coahuila de Zaragoza.

E-mail: yan.plata.epidemiologia@gmail.com

Introducción y objetivo. La tuberculosis sigue siendo un problema de salud pública a pesar de los esfuerzos que se han invertido para su control. Desde mediados del siglo pasado, se ha estudiado el ácido ascórbico, como co-tratamiento de la tuberculosis, pero sin resultados concluyentes, que nos demuestran o refuten la efectividad de este. El ácido ascórbico ha demostrado in vitro ser esterilizante de colonias de *M. tuberculosis*, y desencadena el rápido desarrollo de la latencia bacteriana. El objetivo principal es evaluar el efecto clínico y bacteriológico del ácido ascórbico en pacientes con tuberculosis pulmonar.

Métodos. Una vez seleccionado el paciente con baciloscopia positiva, se agrupa aleatoriamente en uno de los siguientes grupos: a) Grupo 1 “de Intervención” se indicó la toma de Vitamina C de 500 mg, diariamente; más la ministración convencional de fármacos antituberculosis (DOTBAL[®]); y el b) Grupo 2 “de Control” únicamente se suministró DOTBAL[®] a

dosis convencionales. Se toma muestra de esputo para baciloscopia a los 7, 14, 21, 28 días, o hasta la conversión baciloscópica, tomando como día cero, la fecha de inicio del tratamiento; y se realiza un interrogatorio dirigido donde se preguntó y registro diariamente la persistencia de síntomas propios de la tuberculosis, hasta su remisión.

Resultados. Con una muestra de 27 pacientes; el Grupo 1, conformado por 14 pacientes, el 50% eran hombres, con edad de 47.86 ± 15.42 años, y en el Grupo 2, con 13 pacientes y el 69.2% eran hombres, con edad de 44.69 ± 15.59 años. Se observó que el tiempo de conversión baciloscópica en el Grupo 1 fue de 3.21 ± 2.08 semanas, y en el Grupo 2 de 7.08 ± 4.36 semanas ($p= 0.007$). Se compara la prevalencia de los síntomas en ambos grupos a los 7, 14, 21 y 28 días; no existiendo significancia estadística (Tos $p= 0.870$, Fiebre $p= 0.862$, Diaforesis $p=0.254$ y Esputo $p=0.187$).



REMexTB



CICESE

TUBERCULOSIS
y otras
MICOBACTERIOSIS
2025

Área de investigación: **Esquemas de tratamiento y nuevas terapias**

MONITOREO TERAPÉUTICO DE FÁRMACOS ANTITUBERCULOSOS DE PRIMERA LÍNEA A TRAVÉS DE MICROMUESTREO CON GOTAS DE SANGRE SECA

Velarde-Salcedo Rodrigo^{1*}; Ortiz-Álvarez Arturo²;
Rodríguez-Pinal Cristian Jazmín¹; Rodríguez-Pérez Omar¹;
Romano-Aguilar Melissa¹; Milán-Segovia Rosa del Carmen¹;
Romano-Moreno Silvia¹; Medellín-Garibay Susanna Edith¹

1. Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Autónoma de San Luis Potosí.

2. Hospital Regional de Alta Especialidad "Dr. Ignacio Morones Prieto", San Luis Potosí.

E-mail: rvelardesal@gmail.com

Introducción y objetivo. El monitoreo terapéutico de fármacos antituberculosos es una herramienta que asegura el éxito y seguridad del tratamiento a través de una dosificación individualizada. Tradicionalmente se cuantifican los fármacos en dos o más muestras de plasma sanguíneo; sin embargo, para facilitar el monitoreo de fármacos, se han popularizado las técnicas de micromuestreo como las gotas de sangre seca (Dried Blood Spots; DBS). No obstante, para que sea aplicable, se debe comprobar la concordancia entre los resultados obtenidos mediante micromuestreo y mvenopunción convencional. El objetivo de este trabajo es demostrar la aplicabilidad del micromuestreo en DBS con fines de monitorización terapéutica de rifampicina (RIF), isoniacida (INH), etambutol (ETB) y pirazinamida (PZA).

Métodos. Se incluyó en el estudio a pacientes con TB bajo monitoreo farmacoterapéutico. Se les tomó simultáneamente muestras de sangre venosa periférica y de DBS a las 2, 4 y 6 horas post-dosis. Las concentraciones de RIF, INH, ETB y PZA fueron cuantificadas en plasma y DBS mediante cromatografía de líquidos acoplada a espectrometría de masas. La concordancia entre las

concentraciones en plasma y DBS se evaluó mediante regresión de Passing-Bablok y análisis visual de gráficos de Bland-Altman.

Resultados. Se incluyeron un total de 27 concentraciones de fármacos en plasma y DBS provenientes de 9 pacientes con diagnóstico de TB. Se encontró una concordancia aceptable entre las concentraciones de plasma y DBS para RIF ($m=1.06$, $b=-0.13$, $\rho c = 0.975$), INH ($m=1.0$, $b=-0.18$, $\rho c = 0.976$), ETB ($m=0.95$, $b=0.03$, $\rho c = 0.922$) y PZA ($m=1.08$, $b=-3.01$, $\rho c = 0.981$). Las concentraciones de RIF en DBS se utilizaron directamente, mientras que las concentraciones de INH en DBS fueron corregidas con el coeficiente de reparto eritrocitos/plasma. Las concentraciones de ETB y PZA en DBS fueron ajustadas con un factor de corrección multiplicativo y aditivo, respectivamente.

Conclusión. Los resultados preliminares sugieren que el muestreo mediante DBS puede utilizarse en el monitoreo terapéutico de fármacos antituberculosos de primera línea, con una interpretación clínica comparable a la del muestreo tradicional.



REMexTB



CICESE

Área de investigación: **Esquemas de tratamiento y nuevas terapias**

**REPOSICIONAMIENTO DE FÁRMACOS APROBADOS POR LA FDA COMO
INHIBIDORES DE FTSZ CONTRA *Mycobacterium tuberculosis*: UN ESTUDIO
IN SILICO E IN VITRO.**

Tovar-Nieto Andrea Michel ^{1,2*}; Flores-Padilla Luis Enrique ³;
Rivas-Santiago Bruno ¹; Trujillo-Páez Juan Valentin ¹; Lara-
Ramírez Edgar Eduardo ⁴; Jacobo-Delgado Yolanda M. ¹; López-
Ramos Juan Ernesto ³; Rodríguez-Carlos Adrián ¹

¹. Unidad de Investigación Biomédica—Zacatecas, Instituto Mexicano del Seguro Social—IMSS, Interior de Alameda 45, Colonia Centro, Zacatecas 98000, México. ². Laboratorio de Inmunología y Biología Celular. Universidad Autónoma de San Luis Potosí. ³. Centro de Estudios Científicos y Tecnológicos 18 Zacatecas, Instituto Politécnico Nacional, Zacatecas 98160, México. ⁴. Laboratorio de Biotecnología Farmacéutica, Centro de Biotecnología Genómica, Instituto Politécnico Nacional, Reynosa 88710, México.

E-mail: micheln25@gmail.com

Introducción y Objetivo. La tuberculosis (TB), causada por *Mycobacterium tuberculosis* (*Mtb*), sigue siendo una de las principales causas de muerte por enfermedades infecciosas a nivel mundial. La aparición de cepas multirresistentes (MDR) ha dificultado su tratamiento, lo que hace urgente explorar nuevas estrategias terapéuticas. Este estudio se enfocó en identificar y evaluar fármacos aprobados por la FDA que pudieran inhibir la proteína FtsZ, esencial para la división celular de *Mtb*, mediante un enfoque *in silico* e *in vitro*.

Métodos. Se realizó un cribado virtual de 1,947 fármacos aprobados por la FDA utilizando técnicas de docking molecular para identificar aquellos con alta afinidad por el sitio activo de la proteína FtsZ de *Mtb*. Los compuestos seleccionados se evaluaron *in vitro* mediante el ensayo colorimétrico Alamar Blue para determinar su actividad antimicrobiana (MIC) y su efecto sobre el crecimiento de *Mtb*. Además, se utilizó un modelo de infección *in vitro* con macrófagos derivados de monocitos humanos para cuantificar la carga bacteriana mediante

unidades formadoras de colonias (UFC)/mL. La citotoxicidad de los compuestos se evaluó mediante citometría de flujo, sobre Macrófagos derivados de monocitos humanos (MDMh's), por el reactivo Guava ViaCount.

Resultados. Paroxetina y nebivolol mostraron actividad antimicobacteriana contra cepas de referencia y MDR de *Mtb* a una concentración de 25 µg/mL. Ambos compuestos redujeron significativamente la carga bacteriana en macrófagos infectados en comparación con el grupo no tratado. La citotoxicidad observada fue mínima a concentraciones efectivas, indicando un perfil de seguridad favorable para estudios posteriores.

Conclusión. El estudio sugiere que paroxetina y nebivolol, podrían tener un nuevo uso como tratamientos contra la tuberculosis. Su eficacia antimicobacteriana y bajo perfil tóxico respaldan su potencial para estudios futuros, que podrían llevar eventualmente a nuevas terapias para combatir la TB, especialmente en casos de resistencia a los antibióticos actuales.



REMexTB



Área de investigación: **Esquemas de tratamiento y nuevas terapias**

VACUNAS DE SUBUNIDADES DIRIGIDAS A ESXG-ESXH: INDUCCIÓN DE ANTICUERPOS PROTECTORES FRENTE A LA TUBERCULOSIS

Martínez-Olivares Constanza Estefanía^{1*}; Mixcoha Edgar²;
Mata-Espinosa Dulce Adriana¹; Barrios-Payán Jorge Alberto¹;
Antón-Palma Benito²; Matus-Ortega Maura Epifanía²;
Calva- Nieves Juan Carlos²; Salazar-Juárez Alberto²;
Hernández-Pando Rogelio¹

¹. Laboratorio de Patología Experimental, Instituto Nacional de Ciencias Médicas y Nutrición "Salvador Zubirán" ². Laboratorio de Neurobiología Molecular y Neuroquímica Adictiva, Instituto Nacional de Psiquiatría "Juan Ramón de la Fuente Muñiz"

E-mail: constanzamtz@exalumno.unam.mx

Introducción y objetivo. La tuberculosis (TB), causada por *Mycobacterium tuberculosis* (*Mtb*), continúa siendo una de las principales causas de morbilidad y mortalidad a nivel mundial. Aunque la vacuna Bacillus Calmette-Guérin (BCG) es ampliamente utilizada, su eficacia frente a la TB pulmonar en adultos es variable. Si bien la mayoría de las estrategias de vacunación se enfocan en activar la inmunidad celular, evidencia reciente sugiere que las respuestas humorales también pueden contribuir significativamente a la protección. En este estudio se exploró un enfoque de vacuna de subunidades dirigido a las proteínas EsxG y EsxH, esenciales para la supervivencia de *Mtb*. Los péptidos inmunogénicos fueron seleccionados mediante herramientas *in silico* y dinámica molecular.

Métodos. Los péptidos seleccionados se sintetizaron químicamente y se administraron como refuerzo a la vacunación con BCG Phipps una vez por semana durante cuatro semanas. Se evaluaron los títulos de anticuerpos y, un mes después, los ratones fueron desafiados con la cepa virulenta H37Rv. Cuatro meses post-infección, se analizaron la carga bacilar pulmonar y el daño histológico. Para mejorar la inmunogenicidad, se diseñaron cuatro formulaciones basadas en péptidos sintéticos conjugados a toxoide tetánico. Ratones BALB/c fueron inmunizados por vía subcutánea en seis ocasiones antes de ser infectados

intratraquealmente con una dosis alta de *Mtb* H37Rv. Se evaluaron la carga bacteriana pulmonar, la severidad de la neumonía y la capacidad de los anticuerpos IgG purificados para inhibir el crecimiento de *Mtb in vitro*.

Resultados. En un esquema alternativo, los péptidos no conjugados fueron administrados como refuerzo a la vacunación con BCG en una dosis de 10 µg, lo que generó títulos de anticuerpos bajos (1:200). No obstante, lograron reducir la carga bacilar hasta cuatro meses después de la inmunización. En particular, el péptido H1 disminuyó el daño histológico asociado a la neumonía, lo que justificó su posterior conjugación. Los ratones inmunizados con las formulaciones conjugadas mostraron títulos de IgG elevados (hasta 1:290,000), una reducción significativa de la carga bacilar (hasta 93.18 %) y menor daño pulmonar. Como refuerzo de BCG, estas formulaciones potenciaron la protección conferida. Los anticuerpos purificados mostraron actividad bactericida contra la micobacteria.

Conclusión. Estos resultados respaldan el uso de vacunas que inducen respuestas humorales como complemento a las estrategias actuales basadas en inmunidad celular, y destacan el potencial de las proteínas EsxG y EsxH como candidatos prometedores para el desarrollo de vacunas contra la tuberculosis.



REMexTB



Área de investigación: **Farmacorresistencia**

MULTIDROGORRESISTENCIA E INHIBICIÓN DE BOMBAS DE EXPULSIÓN EN *Mycobacterium tuberculosis* H37Rv BAJO PRESIÓN DE GLUCOSA.

Cornejo-Báez Axhell Aleid ^{1,2*}, Zenteno Cuevas Roberto ², Luna,
Herrera Julieta ¹.

¹. Laboratorio de Inmunoquímica II. Escuela Nacional de Ciencias Biológicas. Instituto Politécnico Nacional. Prolongación de Carpio y Plan de Ayala S/N, Col. Casco de Santo Tomas. Del. Gustavo A. Madero, C.P. 11340, Ciudad de México, México. ² Instituto de Salud Pública, Universidad Veracruzana. Av. Luis Castelazo Ayala s/n, Col. Industrial Animas, C.P. 91190, Xalapa Enríquez, Veracruz, México. E-mail: acornejo2809@gmail.com

El Introducción y Objetivo. La presencia de Diabetes mellitus tipo 2-Tuberculosis (DMT2-TB) es un factor de riesgo que aumenta el fracaso al tratamiento, recaída y muerte por TB. Un estudio previo mostró que cepas de *Mycobacterium tuberculosis* H37Rv cultivadas bajo presión de glucosa desarrollaban resistencia a INH y RIF, sin exposición previa al fármaco. Esto llevó a plantear que el exceso de glucosa podría inducir estrés metabólico y activar bombas de eflujo bacterianas responsables de expulsar tanto glucosa como antibióticos. El objetivo del presente estudio fue evaluar si *M. tuberculosis* cultivada en medios hiperglucosados expresa bombas de expulsión y cómo estas contribuyen a la multidrogorresistencia (MDR).

Métodos: Se determinó la CMI de INH, RIF, RIFA, STR, LVX, LIN, CLAR, ETM, AMK, CIP y de los inhibidores de bombas de expulsión (Reserpina, Verapamilo, CCCP, Clorpromazina, ác. ursólico, ác. oleanólico) mediante el ensayo en microplaca de azul alamar (MABA) en la cepa de *M. tuberculosis* H37Rv, cultivada en presencia

de 15 mM de glucosa. Posteriormente, se realizó el ensayo de inhibición de bombas de eflujo en presencia de los inhibidores y los antibióticos mediante el ensayo de MABA. En ambos ensayos la determinación de la CMI se hizo por fluorometría y de forma visual.

Resultados: Verapamilo redujo la MIC en un 50% de STR, LVX, ETB, CIP y OXO y de 75% de LIN. El inhibidor CCCP redujo la MIC de ETB en un 87.5%. El único inhibidor que redujo la MIC en un 50% de INH, RIF y RIFA fue el ácido oleanólico.

Conclusión: La resistencia observada a los fármacos de primera y segunda línea en *M. tuberculosis* sometido a altas concentraciones de glucosa, sugiere que la hiperglicemia promueve la generación de MDR en *M. tuberculosis* y que es factible que esto se deba a la expresión de bombas de expulsión de la familia ABC y MSF principalmente.



REMexTB



Área de investigación: **Farmacorresistencia**

SENSIBILIDAD DE *Mycobacterium lepraemurium* A VEINTIDÓS FÁRMACOS MEDIANTE EL ENSAYO DE ALAMAR AZUL

García-Cárdenas Victoria ^{1*}; Delgadillo-Gutiérrez Karen ¹ ;
Islas-Trujillo Sergio ¹ ; Catalán-González Lucero ¹ ;
Luna-Herrera Julieta ¹

^{1.-} Departamento de Inmunología, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional. Prolongación de Carpio y Plan de Ayala S/N. CP 11340. Delegación Miguel Hidalgo. Ciudad de México. E-mail: vickygc030109@gmail.com

Introducción y objetivo. *Mycobacterium lepraemurium* (MLM) es una micobacteria causante de la denominada lepra de los ratones, enfermedad que presenta gran similitud con la lepra de los humanos, por lo cual se ha considerado como un modelo para el estudio de la lepra humana. MLM no es cultivable *in vitro*, su propagación se realiza mediante infección en ratón, pudiendo ser purificado a partir del tejido murino infectado. Estudios previos han demostrado que una vez aislada del tejido, la micobacteria puede permanecer viable *in vitro* por varias semanas en medios de cultivo enriquecidos, por lo cual el objetivo de este trabajo fue el establecer la susceptibilidad del MLM contra 22 fármacos antimicobacterianos mediante un microensayo fluorométrico.

Métodos. Se colectó tejido a partir de ratones BALB/c infectados durante 4 meses con MLM, el tejido se disgregó y los bacilos se purificaron mediante gradientes de centrifugación. La suspensión bacteriana se ajustó a 15 x 10⁷/ml y se inocularon en placas de 96 pozos conteniendo diluciones seriadas de 22 fármacos antimicobacterianos. Las placas se dejaron incubar a 37° C durante 10 días adicionando el colorante resazurina (alarmar azul) y tomando

lecturas semanales de fluorescencia para determinar la concentración inhibitoria de cada fármaco.

Resultados. MLM fue altamente resistente a 8 fármacos (37%): ceftriaxona, doxiciclina, meropenem, tobramicina, levofloxacina, clofazimina, estreptomycin e isoniazida. Parcialmente resistente a 8 fármacos (37%): imipenem, moxifloxacino, tegiclina, trimetoprim/sulfametoxazol, ofloxacina, rifampicina, etambutol, amikacina. Fue susceptible a 6 fármacos (27%): ciprofloxacina, claritromicina, linezolid, minociclina, kanamicina y rifabutina, estos dos últimos fueron los fármacos más activos contra la bacteria con MICs de 2 y 0.5 mg/ml respectivamente.

Conclusión. El patrón de susceptibilidad de MLM demostró que la cepa estudiada fue resistente a un número importante de fármacos, aunque presentó susceptibilidad a un 27% de los fármacos analizados, en especial rifabutina y kanamicina; es necesario realizar la evaluación de estas opciones de fármacos en el modelo *in vivo* para establecer su eficacia y para reforzar la utilidad de la prueba de susceptibilidad *in vitro* con el colorante resazurina (alarmar azul) para esta especie micobacteriana.



REMexTB



CICESE

Área de investigación: **Grupos vulnerables y salud**

CONDICIONES DE VIDA Y PERCEPCIÓN DE LOS SERVICIOS DE SALUD EN LA COMUNIDAD: ESTUDIO CUALITATIVO EN SAN QUINTÍN, BAJA CALIFORNIA

Villa-Avilés Liliana Guadalupe ^{1*}; Escobar-Pérez Lenin ²;
Sánchez-Pérez Héctor Javier ³; Gordillo- Marroquín Cristina ³,
Girón Téllez-Mendez Bruno ¹, Muñiz Salazar Raquel ¹

¹. Escuela de Ciencias de la Salud. Universidad Autónoma de Baja California, Campus Ensenada. México. ². Comisión de Hacienda y Patrimonio Municipal, I Ayuntamiento de San Quintín. ³. Colegio de la Frontera Sur. San Cristóbal de las Casas, Chiapas.

E-mail: liliana.guadalupe.villa.aviles@uabc.edu.mx

Introducción y objetivo. San Quintín es una región agrícola conformada principalmente por población migrante del sur de México que busca mejores oportunidades laborales. Sin embargo, estas comunidades enfrentan condiciones adversas como el acceso limitado a servicios públicos y de salud, lo que las hace vulnerables a enfermedades infecciosas como la tuberculosis. Este estudio exploró la percepción comunitaria sobre los servicios de salud, las enfermedades más frecuentes, sus necesidades y propuestas de mejora.

Métodos. Se realizó un estudio cualitativo mediante 13 entrevistas semiestructuradas aplicadas en septiembre de 2024 a personas de diversas comunidades agrícolas de San Quintín. Las entrevistas abordaron aspectos sociodemográficos, condiciones de vivienda y trabajo, acceso a servicios de salud y enfermedades presentes tanto en el lugar de origen como en San Quintín. El análisis se llevó a cabo con apoyo de la aplicación Dedoose.

Resultados. Las infecciones respiratorias fueron los principales problemas de salud mencionados, siendo la tuberculosis la

más frecuente. Se identificaron 36 códigos relacionados con esta enfermedad: 33% como enfermedad común, 27.8% como problema de salud actual, 27.8% dentro de infecciones respiratorias, 5.6% como tuberculosis intestinal, y 2.8% como problema de salud al llegar o en el lugar de origen. Los estados de origen más reportados fueron Oaxaca (57.5%), Guerrero (25%), Veracruz (7.5%), Chiapas (5%) y Ciudad de México (5%). En cuanto a los servicios de salud, se identificaron deficiencias como trato inadecuado, falta de personal médico, escasez de clínicas y desabasto de medicamentos.

Conclusión. Este estudio evidencia desigualdades en el acceso a la salud en comunidades agrícolas migrantes. Factores como malas condiciones laborales, hacinamiento, falta de servicios públicos y maltrato institucional dificultan la prevención, el diagnóstico y el tratamiento oportunos de enfermedades como la tuberculosis.



REMexTB



CICESE

Área de investigación: **Grupos vulnerables y salud**

Determinantes sociales y clínico-asistenciales asociados a desenlaces desfavorables en pacientes con tuberculosis en Mexicali, 2024.

Cabanillas Montoya Lizbeth Michelle ^{1,2*}; Núñez García Nayeli Exándira ^{1,2}; Torres Eyraud Alejandra Inés ^{1,2*}

¹. Universidad Autónoma de Baja California ². Jurisdicción de Servicios de Salud Mexicali
E-mail: michelle.cabanillas@uabc.edu.mx

INTRODUCCIÓN Y OBJETIVOS. La tuberculosis (Tb) continúa representando un problema prioritario de salud pública en México, especialmente en regiones donde persisten barreras sociales, económicas y estructurales que limitan el acceso oportuno al diagnóstico y tratamiento. Estas condiciones pueden influir negativamente en la adherencia, la respuesta terapéutica y el desenlace clínico. Este estudio tuvo como objetivo describir el perfil epidemiológico de los casos confirmados de TB en Mexicali durante el año 2024 y analizar los factores sociales y clínico-asistenciales asociados a desenlaces desfavorables del tratamiento, con el fin de identificar áreas críticas de mejora que orienten intervenciones focalizadas y fortalezcan la atención integral en salud.

MÉTODOS. Se realizó un estudio observacional, retrospectivo y analítico con base en los registros del Sistema Nacional de Vigilancia Epidemiológica (SINAVE), incluyendo únicamente los casos con información completa de seguimiento. El análisis estadístico se llevó a cabo en Stata mediante pruebas de χ^2 y cálculo de odds ratio.

RESULTADOS. Se analizaron 565 casos, el 67.61% fueron hombres y la mediana de edad fue de 36 años (RIC 26–51).

El 87.61% eran casos nuevos, 6.37% recaídas y 6.02% reingresos. El 35.3% tenía nivel educativo básico incompleto. La mediana de distancia al centro de salud fue de 3.4 km (RIC 1.8–7.5). Se identificaron 15 casos con resistencia. El tiempo desde el inicio de síntomas al tratamiento fue de 48 días (RIC 28–98), y del diagnóstico al tratamiento de 0 días (RIC 0–4). El 34.51% reportó uso de drogas, 17.70% diabetes, 9.03% VIH y 21.77% desnutrición. El 77.88% presentó tuberculosis pulmonar, 6.02% forma mixta y 16.11% extrapulmonar. El 26.9% tuvo un desenlace desfavorable, asociándose significativamente: sexo masculino (OR: 2.23), uso de drogas (OR: 2.75), farmacoresistencia (OR: 4.13), localización pulmonar y extrapulmonar (OR: 2.37), coinfección VIH (OR: 2.37) y desnutrición (OR: 1.83); todos con $p \leq 0.001$.

CONCLUSIÓN. Los resultados destacan que el éxito terapéutico no depende únicamente del acceso al tratamiento, sino también de factores sociales y clínicos. Se requiere un abordaje integral que incluya intervenciones dirigidas a poblaciones vulnerables, fortalecimiento de la sensibilización comunitaria y atención específica a quienes enfrentan mayores riesgos estructurales.



REMexTB



CICESE

TUBERCULOSIS
y otras
MICOBACTERIOSIS
2025

Área de investigación: **Grupos Vulnerables y Salud**

IDENTIFICACIÓN DE FACTORES DE RIESGO DE ABANDONO AL TRATAMIENTO ANTITUBERCULOSO EN PACIENTES DE LA JURISDICCIÓN SANITARIA II DE AGUASCALIENTES: ANÁLISIS PRELIMINAR 2025

Peña César Mauricio ^{1*}; Moscoso Rincón Manuel Ivan ¹; Hernández
Reyes Paola Susana ¹; Torres Rodríguez Susana Odaly ¹

¹Jurisdicción Sanitaria II, Rincón de Romos, Instituto de Servicios de Salud del Estado de
Aguascalientes (ISSEA) E-mail: emauriciogtz94@gmail.com

Introducción y objetivo. El abandono del tratamiento antituberculoso es una de las principales causas de fracaso terapéutico y un factor crítico en la aparición de tuberculosis farmacorresistente. En la Jurisdicción Sanitaria II de Aguascalientes, se ha observado que variables como el consumo de sustancias, la migración, la estigmatización social y la falta de redes de apoyo familiar o comunitario podrían estar asociadas al abandono terapéutico, particularmente en pacientes con condiciones sociales o clínicas complejas. El presente trabajo tiene como objetivo identificar los factores sociodemográficos, clínicos y contextuales asociados al abandono del tratamiento antituberculoso en los casos confirmados durante el primer semestre de 2025.

Métodos. Se llevó a cabo un estudio observacional con enfoque operativo. Se analizaron 12 casos confirmados de tuberculosis pulmonar, derivados de un total de 136 estudios realizados a personas con sospecha clínica entre enero y julio de 2025. La información se obtuvo mediante revisión de expedientes clínicos, registros en la Plataforma Nacional de TB, notas de seguimiento y cuestionarios de riesgo de abandono. Se incluyeron variables como edad, sexo, comorbilidades, consumo de sustancias, red de apoyo familiar, accesibilidad al tratamiento y fase terapéutica al momento del abandono. El análisis se realizó mediante estadística descriptiva e interpretación cualitativa para detectar patrones relevantes.

Resultados. Durante el primer semestre de 2025, abril fue el mes con mayor número de casos sospechosos estudiados (38), sin embargo, los mayores registros de confirmación

se concentraron en mayo y junio (3 casos cada uno), lo que podría indicar una mayor circulación de *Mycobacterium tuberculosis* o un mejor desempeño en la detección clínica. De los 12 pacientes con tratamiento iniciado, se documentaron 3 casos de abandono (25%). Uno ocurrió durante la fase intensiva, en una paciente con insuficiencia renal aguda que rechazó tanto el tratamiento sustitutivo como el antituberculoso, firmando su desistimiento voluntario. Los otros dos abandonos sucedieron durante la fase de sostén y compartieron antecedentes de consumo de alcohol, red de apoyo social limitada y movilidad geográfica no reportada. Estos hallazgos permiten plantear intervenciones enfocadas desde el primer contacto, con base en evidencia local, para ser implementadas durante el segundo semestre de 2025, ante un posible incremento en la detección de casos.

Conclusión. El abandono del tratamiento en esta cohorte se asoció principalmente a comorbilidades graves, consumo de sustancias, baja contención social y movilidad no controlada. Estos resultados refuerzan la necesidad de fortalecer estrategias de intervención desde el diagnóstico inicial, incluyendo seguimiento domiciliario proactivo y acompañamiento terapéutico estructurado. Reconocer los factores de riesgo en el contexto local permite diseñar acciones más eficaces y personalizadas que favorezcan la adherencia terapéutica y contribuyan a la reducción del riesgo de tuberculosis multirresistente en la región.



REMexTB



Área de investigación: **Grupos Vulnerables y salud**

PREVALENCIA DE TUBERCULOSIS EN ADULTOS MAYORES EN IZTACALCO, CDMX, SEGÚN CUARTILES DEL ÍNDICE DE MARGINACIÓN

Mantilla Ríos Willebaldo^{1,2*}; Sánchez Garrido Natalia²

¹Jurisdicción Sanitaria Iztacalco, Servicios de Salud Pública de la Ciudad de México. ²Instituto Nacional de Geriátrica, Ciudad de México. E-mail: drmantillaw@gmail.com

Introducción y objetivo. El envejecimiento de la población y las desigualdades sociales son factores determinantes en la carga de Tuberculosis (TB) en personas mayores. El objetivo fue estimar la prevalencia de TB en adultos mayores (≥ 60 años) en la Jurisdicción Sanitaria Iztacalco y analizar su distribución según cuartiles del índice de marginación urbana (IM).

Métodos. Se analizó la base de datos de casos confirmados de TB respiratoria registrados entre 2022 y 2025 en la jurisdicción. Se clasificaron por edad, sexo y cuartil del IM. Se estimó la prevalencia de TB en adultos mayores por cuartil de marginación. El análisis se realizó en R.

Resultados. La prevalencia general de TB en adultos mayores fue de 54.2%. Al estratificar por cuartiles del índice de

marginación, se observó una prevalencia de 28.6% en el cuartil 1 (menor marginación), 66.7% en el cuartil 2, 57.1% en el cuartil 3 y 65.0% en el cuartil 4 (mayor marginación), evidenciando un aumento progresivo de la carga de enfermedad conforme se incrementa la marginación urbana.

Conclusión. La carga de TB en personas mayores está asociada con condiciones de marginación social. Este hallazgo resalta la necesidad de priorizar intervenciones focalizadas en entornos urbanos con mayor vulnerabilidad para mejorar el diagnóstico oportuno, el acceso a tratamiento y la vigilancia activa de contactos.



REMexTB



Área de investigación: **Grupos vulnerables**

UNA DIETA RICA EN VITAMINAS B IMPLICADA EN LA REGULACION GENÉTICA DEL METABOLISMO ENERGÉTICO Y RESPUESTA INMUNE EN LA MICROBIOTA INTESTINAL DE PACIENTES CON TUBERCULOSIS.

Ochoa-Lugo Mirna Isabel ^{1*}; Botello-Valadez Korina Merelyn ²;
Candolfi-Arballo Ofelia ²; Ordaz-Silva Salvador ⁵; Cutti-Riveros
Lourdes ³; Zarate-Cornejo Roberto Efraim ⁴; Chávez-Méndez
José Roman ²

¹. Facultad de Medicina y Psicología, Universidad Autónoma de Baja California, Universidad 14418, UABC, Parque Internacional Industrial Tijuana, Tijuana 22390, Baja California, México. ² Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma de Baja California, Valle de las Palmas, Tijuana, Baja California, México. Blvd Universitario No. 1000, Valle de Las Palmas, C.P. 22260 Tijuana, Baja California, México. ³ Facultad de Deportes, Universidad Autónoma de Baja California, Universidad 14418, UABC, Parque Internacional Industrial Tijuana, Tijuana 22390, Baja California, México. ⁴ Facultad de Administración y Contaduría, Universidad Autónoma de Baja California, Universidad 14418, UABC, Parque Internacional Industrial Tijuana, Tijuana 22390, Baja California, México. ⁵ Facultad de Ingeniería y Negocios San Quintín, Universidad Autónoma de Baja California, San Quintín 22930, Baja California, México. *E-mail: ochoa.mirna@uabc.edu.mx

Introducción y objetivo. La tuberculosis (TB) es una enfermedad infecciosa causada por bacterias *Mycobacterium tuberculosis*. En México, la tasa de TB se estimó en 23 casos por cada 100,000 habitantes en 2019. M. tuberculosis interactúan con el receptor TLR4 y contribuyen a la respuesta inflamatoria temprana activando al NLRP3 provocando la producción de citoquinas proinflamatorias. Una dieta rica en vitaminas B ha mostrado efectos en la homeostasis de la microbiota intestinal. El objetivo de este estudio es demostrar que los pacientes con Tuberculosis que reciben suplementación más vitamina B6 permiten la regulación de genes asociados a inflamación y respuesta inmune.

Métodos. 700 pacientes con Tuberculosis internados en el Albergue Las Memorias en la ciudad de Tijuana, Baja California, México, recibieron su tratamiento más suplementación de vitamina B6 y su grupo control. Se realizó una búsqueda bibliográfica en bases de datos disponibles electrónicamente, PubMed, Science Direct y Scopus. El análisis estadístico se realizó mediante ANOVA, Kruskal-Wallis y Mann-Whitney, Correlación de Pearson.

Resultados. Los primeros resultados preliminares en pacientes con Tuberculosis en tratamiento más suplementación con vitamina B6 mostraron una disminución en la expresión de citoquinas proinflamatorias. Así también, se observó que los pacientes con Tuberculosis en tratamiento más vitamina B6 reducen su condición de anemia, esto puede ser debido a la activación del metabolismo de metionina mostrando necesidad de los requerimientos de vitamina B12, por otro lado, se observó que los pacientes con Tuberculosis en tratamiento más vitamina B6 condiciones neuropsicológicas activaron el metabolismo de THF y así la necesidad de obtener vitamina B9 de la dieta.

Conclusión. Se concluye que las vitaminas B juegan papel importante en la microbiota intestinal de los pacientes con Tuberculosis en tratamiento más suplementación de vitamina B6 demostrando disminución de la expresión de genes asociados a inflamación y a su respuesta inmune.



REMexTB



Área de investigación: **Investigación en Servicios de Salud**

USO DE QURE.AI EN LA LECTURA ASISTIDA DE RADIOGRAFÍAS DE TÓRAX COMO HERRAMIENTA DE TAMIZAJE PARA TUBERCULOSIS EN UNA MUESTRA DE PERSONAS PRIVADAS DE LA LIBERTAD EN MEXICALI, BAJA CALIFORNIA.

Ramírez-Escamilla, J.J.^{1*}; Hernández-Bravo, M.A.¹; Lee-Tamayo, M.I.²; Rico-Martínez, J.L.²; León-Ojeda, D.A.²; Hernández-Mendoza, D.³; & Herrera-Torres, R.M.³

¹. Centro Penitenciario de Mexicali, Baja California. ². Programa de Micobacteriosis, Jurisdicción de Servicios de Salud de Mexicali, Baja California. ³. Escuela de Medicina, Universidad Autónoma de Durango, Mexicali, Baja California. E-mail: jared.ramirez@uabc.edu.mx

Introducción y objetivo. Las personas privadas de la libertad (PPL) presentan mayor riesgo de ser afectados por la tuberculosis (TB). Para aumentar el acceso al tamizaje en las PPL, la Organización Mundial de la Salud (OMS) sugiere algoritmos que inicien con la radiografía de tórax. Su eficacia puede ampliarse con la interpretación por Inteligencia Artificial (IA), como qTrack por Qure.ai, que puntúa de 0 a 1 los hallazgos radiológicos sugestivos para TB. El presente trabajo tiene por objetivo evaluar la utilidad de la lectura con qTrack en tamizajes con radiografías de tórax a PPL de Mexicali, Baja California y su relación con los resultados de pruebas moleculares y bacteriológicas para TB en los casos con radiografías sugestivas, realizados de abril de 2023 a diciembre de 2024.

Métodos. Estudio retrospectivo, observacional y transversal. Se recabó la información clínica y epidemiológica del cuestionario epidemiológico de la Dirección General de Epidemiología, los resultados de baciloscopias, GeneXpert y

cultivo del Sistema Nacional de Vigilancia Epidemiológica (SiNAVE); así como los reportes generados por la qTrack. Los datos fueron procesados y analizados en Statiscal Package for Social Science (SPSS), versión 26.

Resultados. Se tamizaron 702 PPL de abril de 2023 a diciembre de 2024 en el Centro Penitenciario de Mexicali. 74 PPL (10.54%) presentaron radiologías sugestivas y 46 (63.16%, N=74) fueron diagnosticados con TB. El 52.17% (n=24) de los casos se confirmaron por clínico-radiológico, y el 26.05% (n=12) por cultivo.

Conclusión. Dadas las limitaciones de la población privada de la libertad para concretar un diagnóstico bacteriológico, el tamizaje por radiografía por qTrack es una herramienta fácil, valiosa y económica para ingresar oportunamente a tratamiento a poblaciones vulnerables en TB.



REMexTB



Área de investigación: **Investigación en Servicios de Salud**

ANÁLISIS ESPACIAL Y TEMPORAL DE CASOS DE TUBERCULOSIS EN IZTACALCO (2022-2025): IDENTIFICACIÓN DE BROTES Y CADENAS DE TRANSMISIÓN CON GO.DATA

Mantilla Ríos Willebaldo^{1*}; Rojas Calixto Oscar Alfonso¹;
García Pérez Paola²

¹Jurisdicción Sanitaria Iztacalco, Servicios de Salud Pública de la Ciudad de México. ²Coordinación Estatal del Programa de Micobacteriosis, CDMX. México.

E-mail: drmantillaw@gmail.com

Introducción y objetivo. La Tuberculosis (TB) continúa representando un importante problema de salud pública en México. El uso de herramientas geoespaciales permite entender la distribución de casos y mejorar las intervenciones de control. El objetivo fue identificar zonas de alta concentración de casos y cadenas de transmisión activa de TB en Iztacalco, Ciudad de México, durante el periodo 2022-2025.

Métodos. Se realizó un análisis espacial y temporal de los casos confirmados registrados en la plataforma SINAVE, utilizando programación en R, se aplicaron el índice de Moran y el estadístico local G_i^* (Getis-Ord) para detectar autocorrelación y conglomerados significativos. Posteriormente, se implementó el rastreo de contactos mediante la herramienta Go.Data de la OMS para identificar vínculos epidemiológicos y cadenas de transmisión.

Resultados. Se identificó una concentración significativa de casos en colonias del oriente de Iztacalco, observándose un brote activo en 2025 con i . Moran de 3.27, $P=0.0005$. El análisis local reveló clústeres en al menos cuatro colonias. Mediante Go.Data se establecieron vínculos entre los casos y sus contactos, permitiendo identificar cadenas activas de transmisión y priorizar acciones operativas en campo.

Conclusión. El análisis espacial integrado con el rastreo de contactos demostró ser útil para detectar brotes activos, comprender la dinámica de transmisión local y fortalecer la respuesta operativa. Estas acciones focalizadas permiten mejorar la eficiencia en el uso de recursos de diagnóstico y tratamiento, y favorecen el corte efectivo de cadenas de transmisión en la comunidad.



REMexTB



CICESE

Área de investigación: **Investigación en Servicios de Salud**

FRECUENCIA, FACTORES RELACIONADOS Y DESENLACES DE LACOEXISTENCIA TUBERCULOSIS Y DIABETES EN CALI, COLOMBIA.

Garza-Bermúdez Azul A.^{1,*}; Luis-Castillo Patricia G.¹;
Victoria-Castro Angela M.²; Ruano Mario F.²;
Ordoñez Estephania²; Niño-Ramírez Yessenia³; Luna Lucy³;
Pacheco Robinson⁴; Ferro Beatriz E.²

¹. Universidad Autónoma de Tamaulipas, Heroica Matamoros. ². Universidad Icesi. ³. Secretaría Distrital de Salud de Cali. ⁴. Universidad Libre Seccional, Cali.
E-mail: azul_garza18@hotmail.com

El Introducción y objetivo. La tuberculosis (TB) y la diabetes mellitus (DM) son crecientes amenazas para la salud pública mundial, con alta carga de morbilidad, mortalidad y deterioro de la calidad de vida. La TB ocupaba el primer lugar en mortalidad por un único agente infeccioso antes de la pandemia COVID-19, en 2023 reportaron 10,7 millones de casos y 1,3 millones de muertes. La DM causó directamente 6,7 millones de muertes en 2021. La coexistencia en un paciente aumenta la gravedad clínica, fracasos terapéuticos y riesgo de muerte. Este estudio buscó determinar la frecuencia, perfil demográfico, clínico y desenlaces de personas con TB-DM registradas en el Programa de Micobacterias de Cali entre 2014-2020

Métodos. Se realizó una investigación operativa a través de un estudio observacional descriptivo de una cohorte histórica de registros de pacientes reportados al Programa de Micobacterias de la Secretaría de Salud Pública de Santiago de Cali.

Resultados. Se analizaron 7,086 registros. La frecuencia de auto reporte de DM en pacientes con TB fue del 7,5% (529/7,086), con una mediana de edad de 59 años (RIC 50-68), y las mujeres representaron

41.6% (220/529). El análisis multivariado identificó como factores de riesgo para la coexistencia de TB-DM el pertenecer al régimen contributivo de salud (QRa: 1,33; IC 95%: 1,08-1,63) y tener tuberculosis pulmonar (TBP) (QRa: 3,43; IC 95%: 2,27-5,17), mientras que estar en situación de calle (QRa: 0,12; IC 95%: 0,04-0,32) hacer parte de la población privada de la libertad fueron factores protectores (ORa: 0,14; IC 95%: 0,06-0,33). Los pacientes con TB-DM mostraron una mayor tasa de éxito al egreso del programa (OR: 1,55; IC 95%: 1,21-1,98) y una menor frecuencia de pérdida de seguimiento (OR: 0,62; IC 95%: 0,45-0,83).

Conclusión. La DM es una comorbilidad frecuente en pacientes con TB en Cali, supervalencia podría estar subestimada. Este estudio revela falta de información sobre la magnitud real de esta coexistencia y subraya la necesidad urgente de implementar estrategias de detección bidireccional y manejo integral en los programas de salud para mejorar la identificación, tratamiento y seguimiento de esta comorbilidad.



REMexTB



CICESE

Área de investigación: **Investigación en Servicios de Salud**

TUBERCULOSIS EN MÉXICO: HALLAZGOS DE UN MONITOREO LIDERADO POR LA COMUNIDAD

Gordillo-Marroquín Cristina ^{1,2,3*}; Castañeda-Cediel Martha Lucía ¹;
Ortiz-Padilla Luis Ángel ¹; Sánchez-Pérez Héctor Javier ^{1,2,3}

¹. Observatorio Social de Tuberculosis de México (OSTB-México); ². El Colegio de la Frontera Sur; ³. Red Mexicana de Investigación en Tuberculosis y otras Micobacteriosis A. C.

E-mail: gordillomcristina@gmail.com

Introducción y objetivo. La tuberculosis (TB) continúa siendo la principal causa de muerte por un solo agente infeccioso a nivel mundial. En México, persisten brechas significativas en el acceso a diagnóstico oportuno y atención integral, particularmente en poblaciones vulnerables. En este contexto, el Monitoreo Liderado por la Comunidad (MLC) se implementó como parte de una estrategia regional en 12 países de América Latina y el Caribe. El presente estudio tuvo como objetivo generar evidencia desde la experiencia de las personas afectadas por TB (PATB) en dos ciudades mexicanas con alta carga de TB y diferencias socio-geográficas (norte-sur del país), con énfasis en detección temprana y atención centrada en las personas.

Métodos. El Observatorio Social de TB-México (OSTB-México) desarrolló un instrumento de recolección de datos con indicadores adaptados al contexto nacional (validado por un Comité Consultivo), que fue aplicado a PATB en Tijuana, Baja California y Acapulco, Guerrero, entre septiembre y octubre de 2024. Se priorizaron indicadores en dos áreas: diagnóstico/detección y atención integral.

Resultados. Se encuestaron 99 PATB (57 en Tijuana y 42 en Acapulco). El 85.9% presentó TB pulmonar. Solo el 12.1% de PATB tuvo acceso a pruebas moleculares para su diagnóstico. El tiempo desde el inicio de síntomas hasta el diagnóstico fue de hasta 60 días [IQR 30;180], con 2.5±3.3 consultas previas antes de la prueba diagnóstica. Solo el 25.3% recibió apoyo psicológico; 17.2% tuvo evaluación nutricional; 76.8% recibió información clara sobre efectos adversos al tratamiento y 97.0% sobre su adherencia al mismo. El 37.4% pagó por su diagnóstico de TB, especialmente en Acapulco (67.6%).

Conclusión. El MLC permitió generar evidencia desde la experiencia de las PATB, documentando desigualdades críticas en la atención de la TB desde una perspectiva comunitaria. Este estudio contribuye a la investigación social en salud y destaca el monitoreo participativo como herramienta clave para impulsar políticas públicas con enfoque de derechos, equidad y participación social.



REMexTB



Área de investigación: **Micobacterias no tuberculosas**

DETERMINACIÓN DEL ANHÍDRIDO MALEICO COMO INHIBIDOR DEL CRECIMIENTO EN MICOBACTERIAS NO TUBERCULOSAS

Novelo- León Ariel Isaías ^{1*}; Caamal- Ley Angel ¹;
Vargas González Alberto ¹

¹Laboratorio de Microbiología, Centro de Investigaciones Regionales "Dr. Hideyo Noguchi".
Universidad Autónoma de Yucatán. *E-mail: isaias-218@outlook.com

Introducción y objetivo. Con el constante aumento de infecciones provocadas por micobacterias no tuberculosas (MNT), al igual que su farmacorresistencia, resulta indispensable encontrar nuevas alternativas a los tratamientos actualmente establecidos y que ofrezcan un efecto en el mayor número de especies posible. Dentro de estos principios activos se encuentra el anhídrido maleico (análogo del ácido itacónico), inhibidor de isocitrato liasa, enzima clave en el ciclo del glioxilato presente en el género *Mycobacterium* que se expresa en condiciones de estrés aumentado la supervivencia. El objetivo de este trabajo fue determinar el efecto inhibitorio del anhídrido maleico sobre el crecimiento de MNT, obteniendo la concentración mínima inhibitoria para determinar si el efecto es uniforme.

Métodos. Se emplearon 23 cepas diferentes de MNT a 1 Mcfarland (*M. avium*, *M. abscessus*, *M. florentinum*, *M. fortuitum*, *M. gordonae*, *M. intracellulare*, *M. kansasii*, *M. simiae*, *M. smegmatis*, *M. szulgai*) y se inocularon en placas de 96 pozos con medio 7h9 middlebrook. Se empleo la técnica

de microdilución en caldo con diluciones seriadas de 10-0.019 mg/mL de anhídrido maleico y se realizaron lecturas diarias en un espectrofotómetro hasta llegar a la fase lac del control positivo el cual se comparó con los pozos de evaluación.

Resultados. Se obtuvo una inhibición del crecimiento en un rango de 0.625-2.5 mg/mL en todas las cepas evaluadas. También se observaron inhibiciones parciales que provocaron un retraso del crecimiento (2 cepas), de 2-3 días con respecto al crecimiento habitual de la cepa correspondiente.

Conclusión. La inhibición del crecimiento se produjo en todas las especies evaluadas lo que destaca la importancia de este compuesto como inhibidor del crecimiento y abre la puerta a futuras evaluaciones como antibiótico o un uso sinérgico con los tratamientos actuales, también este estudio representa el primer paso a la investigación de otras moléculas análogas para el desarrollo de nuevos tratamientos contra MNT.



REMexTB



CICESE

Área de investigación: **Micobacterias no tuberculosas**

EL TRATAMIENTO CON EDL Y BUTIRATO DE SODIO INHIBEN LA ANERGIA EN LA LEPRO MURINA

Islas-Trujillo Sergio ^{1*}; Rojas-Espinosa Oscar ¹; Reyes-Fermín
Brenda I ¹; Cervantes-Trujano Edgar ¹; Islas-Mogollan Sergio ²;
Becerril-Villanueva Enrique ³

¹ Departamento de Inmunología, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional, México, D.F. ² Escuela superior de Medicina, Instituto Politécnico Nacional, México, D.F. ³ Laboratorio de Psicoimmunología, Dirección de investigaciones en neurociencias, Instituto Nacional de Psiquiatría Ramón de la Fuente. C. de México, México.

E-mail: trujiser2@yahoo.com.mx

Introducción. Algunos microorganismos, parásitos intracelulares de los macrófagos, logran sobrevivir porque inducen anergia en las células del huésped. Tal es el caso de *Mycobacterium lepraemurium*, el agente causal de la lepra en los ratones. El control de la enfermedad depende de la acción del interferón gamma, el factor necrosante de tumores y la sintasa del óxido nítrico. En la anergia celular estas sustancias dejan de producirse, abatiendo la actividad microbicida de los macrófagos. Existen diversos estudios que muestran la utilidad del ácido valproico (VPA), el butirato de sodio (NaB) y el extracto dializable de leucocitos (EDL) como terapia en varias enfermedades no infecciosas. Objetivo: Determinar el efecto de estas sustancias, que no son fármacos antileproso, en la evolución de las lesiones de la lepra en el ratón.

Material y Métodos. Se formaron 6 grupos de ratones BALB/c, los cuales fueron infectados con 20 millones de bacilos por vía intraperitoneal. A los 30 días post-inoculación se inició la administración intragástrica de los distintos tratamientos (VPA, NaB y EDL). Una mezcla de rifampicina y clofazimina se usó como tratamiento de control. A los 96 días de infección los animales se sacrificaron conservando el bazo en formol para estudios histopatológicos (HE), bacteriológicos (ZN) e

inmunohistoquímico (IHC) para TNF α , IFN γ e iNOS.

Resultados. La tinción de ZN permitió visualizar y contar los bacilos contenidos en el bazo. Se observó diferencia significativa entre los grupos tratados con EDL y NaB con respecto al control infectado y tratado sólo con SSI. Lo anterior correlacionó con los hallazgos en la tinción con HE, encontrando un menor número de células espumosas en los animales tratados con EDL seguido del grupo tratado con NaB. En las tinciones inmunohistoquímicas, sólo el grupo tratado con EDL presentó diferencias significativas con el grupo control. En el grupo tratado con VPA no se observó diferencia estadística respecto al control. El tratamiento con rifampicina-clofazimina inhibió completamente el desarrollo de la enfermedad.

Conclusiones. El EDL revirtió la anergia celular probablemente por activación de la vía NF κ B y la expresión de TNF α , así como el NaB funcionó como un inhibidor de desacetilasas y permitió la re-expresión de los genes para IFN γ y TNF α . La re-expresión de estos mediadores permitió la activación de iNOS y la síntesis de NO en los macrófagos aumentando su capacidad microbicida.



REMexTB



CICESE

Área de investigación: **Micobacterias no tuberculosas**

IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE MICOBACTERIAS EN PACIENTES CON DIAGNÓSTICO DE TUBERCULOSIS EN TIJUANA, BAJA CALIFORNIA

Ruiz-Tamayo Paola Saritzia ^{1,2*}; Muñiz-Salazar Raquel ²;
Serafín-Higuera Idanya Rubí ¹; Laniado-Laborín Rafael ^{1,3};
Robles-Flores Javier ²; Rentería-Gámez Roberto ^{1,3};
Zaragoza-Calderón Claudia Miriam ^{1,3}

¹ Facultad de Medicina y Psicología. Universidad Autónoma de Baja California ²
Escuela de Ciencias de la Salud. Universidad Autónoma de Baja California ³
Clínica y Laboratorio de Tuberculosis. Hospital General Tijuana IMSS-Bienestar.
E-mail: paola.ruiz.tamayo@uabc.edu.mx

Introducción y objetivo La tuberculosis (TB) es considerada el “gran simulador”, debido a que sus manifestaciones clínicas son similares a las de otras enfermedades, particularmente las micobacteriosis, infecciones causadas por micobacterias no tuberculosas (MNT) que pueden afectar diversos órganos como pulmones, ganglios linfáticos, meninges, intestinos y riñones. La TB representa un problema de salud pública mundial, y el aumento en la incidencia de micobacteriosis, aunado a su baja tasa de notificación en países con alta carga de TB, agrava la situación. El objetivo de este estudio fue determinar la frecuencia de micobacterias tuberculosas y no tuberculosas mediante métodos moleculares en pacientes diagnosticados con tuberculosis atendidos en la Clínica y Laboratorio de Tuberculosis del Hospital General de Tijuana, Baja California, México.

Métodos. Se realizó un estudio observacional, analítico y transversal en 26 muestras clínicas (esputo) y 160 aislados clínicos de pacientes con diagnóstico de TB. Las muestras clínicas fueron analizadas mediante qPCR utilizando el kit MTB/NTM Detection (Seegene INC®). Los aislados clínicos fueron procesados con PCR de punto final para determinar si pertenecían al complejo *Mycobacterium*

tuberculosis (MTBC). En caso negativo, se realizó una PCR multiplex adicional para identificar la especie de MNT.

Resultados. En el 92% (n=24) de las muestras clínicas se identificó *Mycobacterium tuberculosis*; en el 8% restante (n=2), se detectaron MNT. De estas, una se identificó como *Mycobacterium avium* y la otra continúa en análisis pendiente de cultivo microbiológico. En cuanto a los aislados clínicos, el 90% correspondió a *M. tuberculosis*, el 9% (n=14) a *Mycobacterium bovis*, y el 1% (n=1) a *Mycobacterium avium*.

Conclusión. La identificación precisa de la especie de micobacteria en pacientes con TB es fundamental para establecer un diagnóstico certero, orientar el tratamiento adecuado y fortalecer las estrategias de control epidemiológico. Diferenciar entre *Mycobacterium tuberculosis* y MNT permite evitar errores terapéuticos, minimizar el riesgo de resistencia a los fármacos de primera línea y mejorar el pronóstico clínico. En este sentido, el diagnóstico molecular se consolida como una herramienta clave por su rapidez, sensibilidad y especificidad, incluso en muestras con baja carga bacteriana.



REMexTB



CICESE

Área de investigación: **Micobacterias no tuberculosas**

**IDENTIFICACIÓN DE MARCADORES GENÉTICOS DE RESISTENCIA
A ANTIBIÓTICOS EN SUBESPECIES DEL COMPLEJO *Mycobacterium*
abscessus EN AISLAMIENTOS DEMUESTRAS PULMONARES RECIBIDOS
POR EL GRUPO DE MICOBACTERIAS EN COLOMBIA.**

Rocha Chamorro Andrea Catalina ^{1*}; Llerena Polo Claudia
Regina ²; Bermúdez Santana Clara Isabel ³

¹. Bacterióloga, Estudiante de Maestría en Ciencias, Universidad Nacional de Colombia

². MsC. Ciencias Biológicas, Grupo de Micobacterias, Instituto Nacional de Salud ³. PhD.

Departamento de Biología, Universidad Nacional de Colombia E-mail: anrochac@unal.edu.co

Introducción y objetivo: El complejo *Mycobacterium abscessus* (CMA) es una micobacteria no tuberculosa (MNT) emergente, causante de infecciones pulmonares severas, especialmente en pacientes con enfermedades respiratorias crónicas e inmunocomprometidos (Varghese y Al-Hajoj, 2020). Su resistencia intrínseca a múltiples antibióticos representa una amenaza creciente para la salud pública (Bento *et al.*, 2024). Este trabajo tiene como objetivo identificar marcadores genéticos de resistencia mediante genómica comparativa entre subespecies del CMA, integrando datos fenotípicos y genotípicos con secuenciación del genoma completo, con el fin de detectar regiones informativas que puedan validarse como herramientas para vigilancia de la resistencia.

Métodos: Se realizó un estudio experimental, descriptivo y de corte transversal utilizando cepas del biobanco de MNT del Grupo de Micobacterias. Se confirmó la especie mediante "MALDI-TOF", posteriormente se identificaron subespecies y perfiles de resistencia a macrólidos y aminoglucósidos mediante la prueba de Genotype[®] NTM y presencia / ausencia de resistencia mediante la técnica de Sensitrite RAPMYCO 2. Se seleccionaron cuatro aislados por subespecie (*abscessus*, *massiliense* y *bolletii*) para un total de 12, estos además fueron secuenciados para genoma completo, usando tecnologías de lectura larga

y corta. Los ensamblajes híbridos fueron analizados para caracterización genómica y búsqueda de marcadores de resistencia. (Aval ético CEI-FC 2025-A05P05 Comité de Ética, Facultad de ciencias. Universidad Nacional).

Resultados: De las 12 cepas analizadas 07 presentaron resistencia a amikacina o claritromicina por la técnica de Genotype NTM, estos hallazgos se confirmaron con el método fenotípico. Los resultados de los análisis genómicos con que se cuenta actualmente permiten identificar perfiles MLST, SNPs nuevos junto con variaciones estructurales como inversiones, deleciones y regiones diferenciales entre subespecies, que pueden estar asociadas con la resistencia a antibióticos.

Conclusión: Los resultados preliminares muestran una correlación entre los datos fenotípicos y moleculares con los obtenidos a partir del análisis genómico, el que refleja una alta diversidad genética entre subespecies y diferencias estructurales potencialmente asociadas a resistencia antimicrobiana, es probable que los datos genómicos para la identificación de marcadores moleculares puedan ser una herramienta aplicable para el uso de la vigilancia genómica en estas especies.



REMexTB



Área de investigación: **Micobacterias no tuberculosas**

IDENTIFICACIÓN DE MUTACIONES ESPONTÁNEAS EN GENES ASOCIADOS A DROGORRESISTENCIA EN MICOBACTERIAS NO TUBERCULOSAS AISLADAS EN YUCATÁN

Uc Ek Eric Moisés ^{1*}; Vargas González Alberto ¹

¹. Laboratorio de Microbiología, Centro de Investigaciones Regionales "Dr. Hideyo Noguchi"
Universidad Autónoma de Yucatán. E-mail: qfbericuc@gmail.com

Introducción. Las micobacterias no tuberculosas (MNT) son patógenos ambientales emergentes con creciente implicación en infecciones humanas, incluso en personas inmunocompetentes. Su resistencia a múltiples antimicrobianos representa un reto clínico, siendo las mutaciones espontáneas en genes clave uno de los principales mecanismos implicados. En Yucatán, se desconoce la variabilidad genética asociada a la resistencia en cepas locales, tanto clínicas como ambientales, lo cual limita el desarrollo de estrategias terapéuticas y de control efectivas.

Objetivo. Identificar mutaciones espontáneas en genes asociados a drogorresistencia en cepas clínicas y ambientales de MNT aisladas en Yucatán, y evaluar su posible relación con perfiles fenotípicos de susceptibilidad.

Métodos. Se secuenciaron genomas completos de cepas representativas de *M. fortuitum*, *M. abscessus*, *M. goodii* y *M. HK-90*. Se analizaron genes asociados a resistencia (*rrs*, *rhl*, *rpoB*, *rpjC*, *erm(41)*, *gyrA*, *gyrB*), con base en tratamientos antimicrobianos específicos.

Las mutaciones se clasificaron como previamente reportadas o nuevas, y se compararon con los perfiles fenotípicos.

Resultados. Se detectaron mutaciones en genes relacionados con resistencia a rifampicina, claritromicina, amikacina, doxiciclina y ciprofloxacino. Algunas coincidieron con variantes descritas previamente, mientras que otras podrían representar nuevas mutaciones. Se observó similitud genética entre cepas clínicas y ambientales.

Conclusión. El estudio aporta evidencia sobre variantes genéticas conocidas y no descritas previamente en MNT circulantes en Yucatán. Aunque algunas mutaciones se correlacionan con el perfil fenotípico, otras no, lo que sugiere mecanismos adicionales de resistencia. Los hallazgos destacan la importancia de integrar estudios moleculares y fenotípicos para mejorar el diagnóstico, el tratamiento y la vigilancia. Esta información puede apoyar el desarrollo de guías clínicas regionalizadas y fortalecer las políticas públicas para el control de las MNT.



REMexTB



CICESE

TUBERCULOSIS
y otras
MICOBACTERIOSIS
2025

Área de investigación: **Micobacterias no tuberculosas**

LAS CÉLULAS T REGULADORAS (TREG) PARTICIPAN DE EN EL DESARROLLO DE LA ANERGIA EN LA LEPROA MURINA

Islas Trujillo Sergio ^{1*}; Rojas-Espinosa Oscar ¹; Rocha-Frausto Frida ¹; Islas-Mogollan Sergio ²; Rodríguez-Cortés Octavio ²; Becerril-Villanueva Enrique ³

¹. Departamento de Inmunología, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, IPN, Cd de México. ². Laboratorio de Inmunología Médica, Escuela Superior de Medicina, IPN, Cd de México. ³. Laboratorio de Psicoimmunología, Dirección de investigaciones en neurociencias, Instituto Nacional de Psiquiatría Ramón de la Fuente. C. de México, México

E-mail: trujiser2@yahoo.com.mx

Introducción. La lepra es una enfermedad que en la actualidad sigue vigente, aunque su incidencia decae año con año. Es una enfermedad que aún requiere atención médica y epidemiológica. Varias características la hacen muy interesante: muestra un patrón multivariado de manifestaciones clínicas. La enfermedad se desarrolla asociada a la pérdida de respuesta inmune contra el agente de la enfermedad. Los mecanismos de la pérdida de respuesta inmune conocida como anergia celular no están bien definidos. Objetivo: Investigar la participación de las células Treg en el desarrollo de la anergia en la lepra, a través del modelo de la lepra murina.

Materiales y Métodos. Se inocularon ratones BALB/c con 107 bacterias (*Mycobacterium lepraemurium*) (MLM) por la vía intraperitoneal y se siguió por 120 días. Se registró el desarrollo de esplenomegalia como un indicador del establecimiento y desarrollo de la enfermedad. En el bazo se midieron los cambios histopatológicos relacionados con la enfermedad: aparición de granulomas, presencia de bacilos y otros cambios histológicos. Se prepararon cortes histológicos del órgano y se tiñeron con hematoxilina-eosina y con la tinción de Ziehl-Neelsen. También se buscó la presencia de células Th1 (CD4/CD25/Tbet) y Treg (CD4/

CD25/FoxP3) recurriendo a la citometría de flujo en los esplenocitos a lo largo de 4 meses de infección.

Resultados. Se observó esplenomegalia y hepatomegalia. En ambos casos, aparecieron granulomas que aumentaron de tamaño en función del tiempo de infección; lo mismo ocurrió con el número de bacilos en los granulomas. La citometría de flujo reveló un incremento de células T CD4+Tbet+ en los tiempos tempranos de la infección y un incremento en los niveles de células TCD4+FoxP3+ en los tiempos más avanzados de la enfermedad.

Conclusiones. La lepra murina, como la lepra humana, es una enfermedad que progresa paralelamente al desarrollo de anergia celular. Las razones de la anergia celular no son bien conocidas, pero pueden involucrar diferentes mecanismos. Uno de esos mecanismos es el desarrollo de células con actividad reguladora. En este estudio encontramos que la infección con MLM inicialmente estimula una respuesta protectora mediada por células Th1 y más tarde una respuesta supresora mediada por células Treg. Aun en este caso, no sabemos cuál es el mecanismo que lleva al apagamiento de la respuesta protectora y a la activación de la respuesta reguladora.



REMexTB



Área de investigación: Microbiología e Inmunología

Análisis ómico de la red neuro-inmuno-endocrina durante el sickness behavior en el modelo de lepra murina

Becerril-Villanueva E ^{1*}, Pérez-Sánchez G. ¹, Salazar-Juárez A. ²,
Pavón L. ¹, Jacinto-Gutiérrez S. ¹, Morales Reyna M. ³,
Nicolat-Zedillo JC ³, Castañón-Areola M. ³, Álvarez-Sánchez E. ³,
Hernández-Pineda J. ⁴, Islas-Magañón S. ⁵, Contis-Montes de Oca A. ⁵,
Cid-Gutiérrez JL. ⁵, Ponce-Regalado MD. ⁶,
Rojas-Espinosa O. ⁷

¹ Laboratorio de Psicoimmunología, Instituto Nacional de Psiquiatría, ² Laboratorio de Neurobiología Molecular y Neuroquímica de las Adicciones, Instituto Nacional de Psiquiatría, ³ Posgrado en Ciencias Genómicas, Universidad Autónoma de la Ciudad de México (UACM), ⁴ Departamento de Infectología e Inmunología del Instituto Nacional de Perinatología, ⁵ Escuela Superior de Medicina IPN, ⁶ Departamento de Ciencias de la Salud, Centro Universitario de los Altos, Universidad de Guadalajara, ⁷ Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, IPN.

*E-mail: lusenbeve@yahoo.com

Introducción. La lepra murina es una enfermedad infecciosa sistémica causada por *Mycobacterium lepraemurium* (MLM), durante la infección el sistema nervioso central (SNC) no se ve afectado; sin embargo, los animales enfermos muestran alteraciones cognitivas denominadas sickness behavior. Este comportamiento se ve regulado por un incremento de los mediadores inflamatorios y hormonales. El sistema encargado de regular estas alteraciones es el sistema neuroinmunoendocrinológico, a través de la comunicación bidireccional entre citocinas, hormonas y neurotransmisores.

Objetivo. Evaluar las alteraciones neurocognitivas en los días 1, 2, 3 y 7 después de la infección y correlacionarlas con los niveles de hormonas citocinas y el perfil proteómico y metabólico del hipocampo.

Material y métodos. Se infectaron ratones Balb/c con bacilos MLM vivos y virulentos. Se evaluaron los cambios neuroconductuales los días 1, 2, 3 y 7 después de la infección mediante pruebas de nado forzado, suspensión de cola, socialización y registros

polisomnográficos. En cuanto a los parámetros inmunológicos y neuroquímicos, se determinó la presencia de IL-1 β , IL-6, TNF α , dopamina y serotonina en el hipocampo, en el caso de la metabólica se identificaron múltiples vías alteradas a lo largo de la infección.

Resultados. Se observa un incremento en las alteraciones neurocognitivas que se correlacionan con la sintomatología del sickness behavior asociada a la infección por MLM. En cuanto a las citocinas y los neurotransmisores, se evidenciaron alteraciones que se correlacionan con las alteraciones del comportamiento. En el caso de los perfiles ómicos del hipocampo se identificaron cambios en vías metabólicas y en el patrón proteómico.

Conclusiones. Estos resultados proporcionarán una imagen más completa del papel de las proteínas y vías metabólicas asociadas al establecimiento del sickness behavior en un modelo experimental de lepra murina.



REMexTB



Área de investigación: Microbiología e Inmunología

EFFECTOS DE BIOPOLIMEROS Y SUS NANOESTRUCTURAS EN MODELOS DEINFECCIÓN *in vitro* CON *Mycobacterium tuberculosis*

González-Muñiz Oscar Eduardo ^{1,2*}; Navarro-Tovar Gabriela ²;
Huerta-Elías Jaime Eduardo ¹; Salado-Leza Daniela Edith ³;
Rivas-Santiago Bruno ¹

¹. Unidad de Investigación Biomédica de Zacatecas del Instituto Mexicano del Seguro Social, UIBMZ ². Centro de Investigación y estudios de posgrado, Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Autónoma de San Luis Potosí, UASLP ³. Instituto de Física, Unidad de Nanomedicina y Radiobiología Experimental, UASLP E-mail: oscar_glzm@moutlook.es

Introducción y objetivo. La tuberculosis (TB) continúa siendo un problema de salud a nivel mundial, el desarrollo de nanotransportadores para la administración de moléculas bioactivas, es una alternativa prometedora para optimizar el tratamiento contra la TB. Las nanopartículas poliméricas (PNPs) como el quitosano (CS) y alginato (ALG) han mostrado resultados prometedores para este objetivo. Sin embargo, se desconoce los efectos inmunológicos de estos biopolímeros cuando son entregados a células de la respuesta inmune innata infectadas con *Mycobacterium tuberculosis* (Mtb). Por lo tanto, el objetivo de la investigación fue evaluar el efecto de ALG y CS durante la infección con Mtb.

Métodos. La síntesis de PNPs se realizó mediante gelación iónica, y fueron caracterizadas mediante Dynamic Light Scattering, FT-IR y SEM. Neumocitos tipo II y macrófagos humanos, infectados con Mtb (H37Rv), fueron estimulados con las PNPs (50, 100 y 200 µg/mL) y los polisacáridos (ALG, 0.025, 0.5 y 3 mg/mL; CS, 2.5, 10 y 40 µg/mL) durante 24 y 48 h, y el recuento bacteriano fue evaluado mediante UFC/ml.

La viabilidad de las células estimuladas (no infectadas) con los polisacáridos o PNPs fue evaluada mediante tinciones nucleares y citometría de flujo.

Resultados. Los biopolímeros no mostraron efectos citotóxicos. Por otro lado, no se observó reducción en la carga bacilar en ambos modelos tratados con las PNPs. Sin embargo, cuando las células fueron estimuladas con los polisacáridos las UFC/mL incrementaron de manera dosis-dependiente durante las dos cinéticas. Conclusiones. Las PNPs no mostraron una mejora en la inmunidad innata contra Mtb. Por el contrario, las dosis más altas de CS y ALG alteraron la respuesta inmune contra Mtb, no descartamos la posibilidad de una inmunosupresión que bloqueé la expresión de activadores y moléculas bactericidas, tales como citocinas y péptidos antimicrobianos, por lo que el análisis en la expresión de estos mediadores permanece como una perspectiva a evaluar.



REMexTB



CICESE

Área de investigación: Microbiología e Inmunología

Estudio de la delección de Rv1357c en las cepas de *Mycobacterium tuberculosis* (Mtb) H37Rv y HN878.

López-Santacruz J. Roberto ^{1,2*}; Mata-Espinosa Dulce A. ²;
Alfonseca-Silva Edgar ¹; Flores-Valdez Mario Alberto ³;
Barrios-Payán Jorge A. ²; Cruz-Garrido Daniel F. ²;
Hernández-Pando Rogelio E. ².

¹. Departamento de Microbiología e Inmunología, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia – Universidad Nacional Autónoma de México ². Departamento de Patología, sección Patología Experimental, Instituto Nacional de Ciencias Médicas y Nutrición Salvador Zubirán. ³. Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco.

E-mail: mvz.robertosantacruz@gmail.com

Introducción y objetivo. Dentro del género *Mycobacterium* diversos procesos como la adhesión intracelular y la formación de biopelícula están regulados por el segundo mensajero di-GMP-cíclico (ci-di-GMP). El c-di-GMP es sintetizado a partir de GTP por diguanilato ciclasas (DGC) e hidrolizado por fosfodiesterasas (PDE). En el genoma de *Mtb*, Rv1357c posee un motivo EAL con actividad PDE. Nuestro grupo quiere determinar el impacto de eliminar Rv1357c en *Mtb* y el efecto generado en modelos *in vitro* e *in vivo*.

Métodos. Se utilizaron cepas silvestres H37Rv y HN878 de *Mtb*, junto con sus derivados isogénicos con delección de Rv1357c (H37RvΔRv1357c y HN878ΔRv1357c) y sus correspondientes mutantes complementados (H37RvΔRv1357c::Rv1357c y HN878ΔRv1357c::Rv1357c). La fagocitosis y supervivencia intracelular bacteriana se evaluaron en macrófagos alveolares murinos (células MH-S), con una MOI 1:2, a 1, 24, 48 y 72 h. Las unidades formadoras de colonias (UFC) se analizaron por ANOVA y Tukey. Además, se realizó un

ensayo de supervivencia en ratones BALB/c hembra de 8 semanas, infectados intratraquealmente con $\sim 2.5 \times 10^5$ UFC durante 120 días. La supervivencia se evaluó con Kaplan-Meier y prueba de Mantel-Cox.

Resultados. Los ensayos de bacteriólisis en células MH-S mostraron que las cepas carentes de Rv1357c tienen un número significativamente menor de UFC comparadas con las cepas de tipo silvestre de HN878 en los tiempos de 1, 24 y 48 h, tendencia observada en las cepas H37Rv, lo cual nos indica una menor supervivencia intracelular. En ratones BALB/c hembra se observa una supervivencia significativamente mayor en los individuos infectados con las cepas carentes de Rv1357c.

Conclusión. Al estar ausente Rv1357c se observa una mayor supervivencia a la infección en el modelo murino, así como un número significativamente menor de UFC tras la fagocitosis en MH-S, lo cual sugiere la atenuación de la patogenicidad de estas cepas.



REMexTB



CICESE

Área de investigación: **Microbiología e Inmunología**

Influencia de las células Tregs en la infección aguda y crónica con una cepa hipervirulenta de *Mycobacterium tuberculosis*

Lozano Ordaz Vasti ^{1*}; Rodríguez Míguez Yadira¹; Hernández Bazán Sujhey¹; Mata Dulce Adriana¹; Barrios Payan Jorge Alberto¹; Hernández Pando Rogelio¹

¹. Laboratorio de Patología Experimental, Departamento de Patología, Instituto Nacional de Ciencias Médicas y Nutrición Salvador Zubirán. E-mail: loov1288@hotmail.com

Introducción y objetivo. Las células T reguladoras (Tregs) CD4+CD25+FoxP3+, regulan al sistema inmune mediante la supresión de linfocitos efectores. Durante la tuberculosis activa, el número de células Treg se incrementa en los sitios de infección, así como en nódulos linfáticos y bazo. A pesar de que se ha observado la participación de Tregs en tuberculosis, aun no se sabe por completo si su papel es beneficioso o no para el control de la infección, y su participación en la infección con cepas hipervirulentas, por lo cual en este trabajo nos dimos a la tarea de investigar el papel de las Tregs tanto en la infección aguda como en la infección progresiva, con una cepa hipervirulenta de *Mycobacterium tuberculosis* (*Mtb*) en un modelo murino de infección intratraqueal.

Métodos. Las Tregs se depletaron utilizando el anticuerpo anti-CD25 en ratones BALB/c un día previo a la infección con la cepa hipervirulenta 5186 de MTB, para evaluar la participación su papel en la fase temprana de la infección, y se realizaron eutanasias al día 7, 14 y 21 postinfección. En un experimento a parte se depletaron las Treg al día 17 postinfección con la misma cepa, para evaluar su participación en la fase progresiva de la infección, y se realizó la eutanasia al día 28 postinfección. En las eutanasias se recuperaron los pulmones de los ratones, para analizar los cambios histopatológicos y la carga bacilar.

Resultados. Cuando se depletaron las células Treg en la fase temprana, se observó menor carga bacilar al día 21 postinfección,

que en los ratones control que recibieron el anticuerpo isotipo IgG. También se observó en los pulmones de ratones tratados, inflamación peribronquial desde el día 7 postinfección, y para los días 14 y 21, se observó un importante reclutamiento de neutrófilos, y granulomas bien establecidos. Cuando las Tregs se depletaron durante la progresiva, el día 28 postinfección la carga bacilar en los ratones tratados fue 5 veces más alta que en los controles, y además observamos que cerca del 50% del pulmón estaba afectado por daño alveolar difuso, al contrario de los animales control, donde se observó neumonía. Para analizar los cambios en el endotelio en las áreas de daño alveolar difuso, se evaluó la expresión de las proteínas de adhesión PECAM-1, GPIV, P selectina y VCAM-1 por IHQ, y se identificó un alto porcentaje de células endoteliales, células del epitelio alveolar y leucocitos positivas. El porcentaje de células positivas para GPIV, P selectina y VCAM-1 fue significativamente mayor en los ratones tratados que en aquellos que recibieron el isotipo.

Conclusión. Durante la infección con una cepa hipervirulenta, la participación de las células Treg al inicio de la infección tiene efectos deletéreos y limita las respuestas protectoras, siendo beneficioso para la micobacteria, pero cuando la infección se ha establecido y comienza a formarse la neumonía, la respuesta reguladora es importante para limitar el daño y mejorar el pronóstico para el hospedero.



REMexTB



CICESE

Área de investigación: Microbiología e Inmunología

LA TUBERCULOSIS ACTIVA INDUCE UNA DISFUNCIÓN PERSISTENTE EN LA PRODUCCIÓN DE MOLÉCULAS CITOTÓXICAS, AÚN ANTE LA REEXPOSICIÓN A BCG

Ramon-Luing Lucero De Los Angeles ^{1*}; Flores-Gonzalez Julio
César ¹; Gutiérrez De la Cruz Neptali ²; Albores Méndez Exsal
Manuel ²; Peña-Bates Carlos ¹; Chávez-Galán Leslie ¹; Téllez-
Navarrete Norma Angélica¹

¹. Instituto Nacional de Enfermedades Respiratorias Ismael Cosío Villegas. ². Escuela Militar de
Graduados de Sanidad, Universidad del Ejército y Fuerza Aérea Mexicana, CDMX, México.

*E-mail: ramonluing@yahoo.com.mx

Introducción y objetivo. Los linfocitos T CD8⁺ controlan la infección de *Mycobacterium tuberculosis* (*Mtb*) mediante la eliminación de células infectadas y la secreción de citocinas. Evidencia previa sugiere una menor frecuencia y funcionalidad de subpoblaciones de linfocitos T CD8⁺ durante la tuberculosis activa (TBA) comparada con la infección latente (iLTB). Este estudio evaluó la capacidad basal de producción de moléculas citotóxicas (transcripcional/proteico) por células de pacientes TBA e iLTB, así como en respuesta a la exposición a *Mycobacterium bovis* BCG.

Métodos. Se analizaron células mononucleares (CMN) y plasma de individuos con TBA (n=80), contactos sanos QuantiFERON positivos (n=20), QuantiFERON negativos (n=20) y controles sanos no expuestos (n=10). Se evaluó por qPCR la expresión génica de GZMA, GZMB, PRF1 y GNLY. Por citometría de flujo, se midieron niveles solubles de granzima A/B, perforina, granulisina, sFas, sFasL, TNF, IFN- γ , IL-2, IL-4, IL-6, IL-10 e

IL-17 en plasma y sobrenadantes de CMN estimuladas con BCG.

Resultados. Los niveles transcripcionales de GZMA, GZMB, PRF1 y GNLY están disminuidos en TBA ($p < 0.0001$), y es independiente del estado de resistencia a fármacos o a diabetes tipo 2 (DM2, principal comorbilidad). A nivel proteico, TBA mostró niveles disminuidos de granzimas, perforina, sFas/sFasL y citocinas citotóxicas, esta disfunción se mantuvo aún en respuesta a la exposición a BCG. En contraste, TBA presentó niveles elevados de granulisina, tanto basales como inducidos por la exposición a BCG ($p < 0.05$). Excepto granzima B, estas alteraciones no se asociaron a DM2.

Conclusión. La TBA compromete la capacidad citotóxica celular y esta disfunción persiste incluso ante un nuevo estímulo antigénico. Estos hallazgos sugieren que esta vía tiene potencial para ser explorada en el diseño de estrategias inmunoterapéuticas dirigidas a restaurar la funcionalidad citotóxica en TBA.



REMexTB



Área de investigación: **Microbiología e Inmunología**

PAPEL DE LA CALRETICULINA EN LA INFECCIÓN CON

Mycobacterium tuberculosis

Salcedo-Hernández Agua Marina^{1,2*}; Jacobo-Delgado Yolanda
Monserath¹; Félix-Arellano Camelia¹; Rivas-Santiago Bruno¹

¹ Unidad de Investigación Biomédica del Instituto Mexicano del Seguro Social de Zacatecas (UBIMZ) ² Universidad Autónoma de Nuevo León, Facultad de Ciencias Biológicas, Laboratorio de Inmunología y Virología. E-mail: aqua.marina12.21.45@gmail.com

Introducción y objetivo. La tuberculosis (TB) ha retomado en el último año el primer lugar como agente infeccioso con la mayor tasa de mortalidad. A pesar de contar con un esquema de tratamiento eficaz para contener y eliminar la enfermedad, el sector salud se enfrenta actualmente a nuevas problemáticas, debido a la alta capacidad de adaptabilidad de *Mycobacterium tuberculosis* (*Mtb*). Una de las consecuencias se ve reflejada con la presencia de cepas con diferentes grados de virulencia, tales como LAM5186, Beijing 4P, H37Rv y H37Ra, las dos primeras cuentan con una alta capacidad de infección, mientras que H37Ra es considerada una cepa avirulenta o atenuada. Por ello, en este trabajo se busca estudiar la participación de la Calreticulina (CRT), una glicoproteína del retículo endoplásmico, que se ha visto su participación en el sistema inmune, tanto para la correcta presentación antigénica como una señal pro-fagocítica en células cancerosas. Se analizó, si su expresión se verá asociado según el grado de virulencia de *Mtb*.

Métodos. Se trabajó con una línea celular de neumocitos tipo II (A549) y con macrófagos derivados de monocitos (hMDMs). Las cepas de *Mtb* se cultivaron,

para la infección y poster extracción de RNA con Trizol, se sintetizó el cDNA por medio de RT-PCR, por último, medir los niveles de expresión por RT-qPCR tanto de CRT como de citocinas pro-inflamatorio como anti- inflamatorio.

Resultados. En la línea A549, se observo una mayor expresión de CRT en cepas con mayor virulencia, mientras que en macrófagos se obtiene una mayor expresión en cepas con menor grado de virulencia, mientras que el perfil de citocinas está asociado al grado de virulencia de cada cepa.

Conclusión. Se observó que la expresión de CRT en neumocitos tipo II infectados con diferentes cepas de *Mtb* está relacionado con los niveles de estrés a nivel del RE. En cambio, para células inmunológicas infectadas con cepas con mayor grado de virulencia se ve disminuida su expresión, este último probablemente se asocie a formas de evasión del sistema inmune que podrían evaluarse posteriormente. Es así, que con este estudio se busca informar, sobre la asociación que tiene CRT en la infección por *Mtb*, y plantear su potencial como futuro blanco terapéutico en el control de TB.



REMexTB



Área de investigación: **Microbiología e Inmunología**

PEPTIDOS ANTIMICROBIANOS (CATHELICIDINAS) OBTENIDAS DE HIENAS CON CAPACIDAD ANTIMICOBACTERIANA Y QUIMIOTÁCTICA.

Mata Espinosa Dulce ^{1*}; Mendoza Laguna Paola¹; Zavala Villena Arleth¹; Melgarejo Tonatihu²; Hernández Pando Rogelio¹.

¹ Instituto Nacional de Ciencias Médicas y Nutrición Salvador Zubirán. CDMX. ² Western University CA, USA E-mail: dulce.matae@incmnsz.mx

Introducción y Objetivo. El tratamiento de la tuberculosis (TB) es largo y potencialmente tóxico, por lo que alternativas terapéuticas como la inmunoterapia es una posibilidad interesante. Las cathelicidinas son péptidos de la inmunidad innata que tienen actividad inmunomodulatoria, antimicobacteriana y quimiotáctica que pueden coadyuvar con la antibioticoterapia acortándola. Las cathelicidinas producidas por animales de vida salvaje como las hienas pueden tener mayor actividad biológica, debido a que en su ambiente natural y por su forma de vida están expuestas a un gran número de bacterias patógenas.

Métodos: Se evaluaron *in-vitro* cinco cathelicidinas distintas de dos especies diferentes de hienas en su capacidad citotóxica y quimiotáctica con macrófagos, así como en su actividad microbicida determinando la concentración mínima inhibitoria (MIC) con micobacterias drogossensible y resistente. Se evaluó también la actividad microbicida de las cathelicidinas en macrófagos infectados y su efecto sinérgico en combinación con antibióticos de primera y segunda línea.

Resultados La cathelicidina 2, HAPi Hh OPF de 19 aminoácidos (a.a), tuvo MICs de 20 y 5 ug/ml con bacterias drogossensibles y resistentes respectivamente, también disminuyó significativamente la carga bacilar en macrófagos infectados y tuvo actividad quimiotáctica. La cathelicidina 1 (HAPi Cc de 32 a.a.) y la cathelicidina 5 (HAPi Hh de 32 a.a.) mostraron actividad quimiotáctica dosis dependiente. La cathelicidina 3 (HAPi SAL Cc de 12 a.a.) no es quimiotáctica y tiene una MIC de 40 ug/ml para las bacterias drogossesistentes. Todas las cathelicidinas están acetiladas en el amino y amidadas en el carboxilo terminal.

Conclusión: Las cathelicidinas 1, 2 y 5 son quimiotácticas y microbicidas, podrían ser útiles como coadyuvantes para la TB activa y para prevenir la transmisión en convivientes cercanos. La cathelicidina 3 no es quimiotáctica pero tiene efecto terapéutico. Estas actividades potenciales se estudiarán en modelos murinos.



REMexTB



Área de investigación: **Microbiología e Inmunología**

Producción de anticuerpos contra linajes específicos de *M. tuberculosis*

Cortez de la Fuente Luis Jesús^{1*}; Nakamura-López Yuko²;
Vocanegra-García Virgilio³; Palma-Nicolás José Prisco¹

¹. Universidad Autónoma de Nuevo León, Fac. de Medicina, Departamento de Microbiología. Monterrey, N.L. ². Jefatura de Oficina de Investigación de Salud, Coordinación Estatal Oaxaca, Servicios de Salud del Instituto Mexicano de Seguro Social para el Bienestar (IMSS-BIENESTAR). ³. Centro de Biotecnología Genómica, IPN. Ciudad Reynosa, Tamaulipas.
E-mail: luisjortezdlf88@hotmail.com

Introducción y objetivo. Se ha documentado ampliamente una alta producción de anticuerpos en los pacientes con tuberculosis pulmonar activa, pero se ha destacado que la alta variabilidad antigénica de la respuesta humoral a *Mycobacterium tuberculosis* entre pacientes es uno de los factores que limitan el desarrollo de un método serológico de diagnóstico basado en el uso de antígenos proteicos. Si bien parte de la variabilidad puede ser atribuida a factores genéticos inherentes al huésped, nos propusimos investigar si existen diferencias significativas en el perfil de la respuesta humoral que puedan ser debidas a la variabilidad genética de las cepas de *M. tuberculosis*, clasificadas mediante espoligotipos.

Métodos. Se tomó muestra de expectoración y de sangre, previo consentimiento informado, a 75 pacientes con tuberculosis pulmonar. Se aislaron e identificaron las micobacterias por cultivo en medio Lowenstein-Jensen, se extrajo el ADN por el método CTAB/fenol-cloroformo, y se realizó el espoligotipado con membranas Biodyne C (Isogen Bioscience).

La determinación de anticuerpos totales IgG e IgM se realizó por ELISA (Abcam), y para la titulación de las muestras de suero se empleó proteína de filtrado de cultivo (CFP, 5 µg /pozo) de *M. tuberculosis*.

Resultados. Se identificaron 14 aislamientos del Linaje 1 (Indo-Oceánico), 6 aislamientos del Linaje 2 (Este Asiático/ Beijing) y 58 aislamientos del Linaje 4 (Euro-Americano). Todos los pacientes presentaron altos niveles de producción de anticuerpos de clase IgM, siendo mas elevados en pacientes infectados con *M. tuberculosis* sublinaje T1. La titulación de IgG anti-*M. tuberculosis* mostro una amplia variabilidad entre pacientes, con títulos significativamente mas bajos en pacientes que fueron infectados por cepas del sublinaje H (Harleem).

Conclusión. La amplia diversidad genética entre las cepas de *M. tuberculosis* tiene un impacto en la respuesta de anticuerpos de clase IgG.



REMexTB



Área de investigación: **Microbiología e Inmunología**

TUBERCULOSIS LATENTE CEREBRAL, SU POSIBLE RELACIÓN CON COMPORTAMIENTO AGRESIVO ANTISOCIAL

Lara- Espinosa Jacqueline Viridiana^{1*}; Hernández- Pando
Rogelio¹; Barrios-Payan Jorge¹; Mata-Espinosa Dulce¹.

¹Instituto Nacional de Ciencias Médicas y Nutrición Salvador Zubirán. Departamento de
patología experimental. E-mail: jyle_29031991@comunidad.unam.mx

Introducción y objetivo. La infección tuberculosa latente (LTBI) se define como un estado de respuesta inmunitaria persistente a la estimulación por antígenos de *Mycobacterium tuberculosis* (*Mtb*) sin evidencia clínica de tuberculosis (TB) activa. Además, la LTBI está relacionada con inflamación persistente, de bajo grado. Los individuos con rasgos de agresividad muestran niveles elevados de citocinas inflamatorias. Recientemente se observó que pacientes con TB presentan alteraciones psicológicas que se manifiestan con agresión conductual. El objetivo del presente trabajo es determinar la existencia de micobacterias en estado latente en áreas del cerebro relacionadas con la conducta agresiva o impulsiva en el modelo murino de TB latente, correlacionando la conducta agresiva con marcadores de inflamación, daño neurológico y cambios neuroquímicos.

Métodos. Utilizando un modelo murino de TB latente se evaluó el comportamiento agresivo a los 7, 9 y 12 meses utilizando la prueba del residente-intruso. Se contó con un grupo de animales sanos. Además, se contó con un grupo al cual a los 7 meses

se administró tratamiento con antibióticos para TB latente durante 2 meses. Se realizó la eutanasia de los animales y se obtuvieron muestras de los pulmones y diferentes regiones del cerebro, principalmente las relacionadas con el control del comportamiento agresivo, para la determinación de marcadores inflamatorios, de daño neuronal y cambios neuroquímicos relacionados con la agresividad.

Resultados. Los resultados preliminares mostraron que los animales con latencia presentaron conducta agresiva en la prueba del residente-intruso en comparación con los animales sanos después de 7 y 9 meses de infección. La conducta agresiva disminuye en el grupo tratado con antibióticos. Los animales con TB latente presentaron mayor expresión de los genes de la monoamine oxidase A y la catechol-O-methyltransferase.

Conclusiones. La LTBI podría estar relacionada con el establecimiento de agresividad.



REMexTB



CICESE

Área de investigación: Microbiología e Inmunología

Utilidad potencial de los índices SII y SIRI como marcadores de inflamación en Tuberculosis Pulmonar Activa

Sánchez Díaz Kevin H. ^{1*}; Ramón-Luing Lucero A. ¹; Choreño Parra Alberto ²; Flores González Julio C. ²; Chávez-Galán Leslie ¹;

¹. Laboratorio de Inmunología Integrativa, Instituto Nacional de Enfermedades Respiratorias Ismael Cosío Villegas, CDMX, México. ². Departamento de Enseñanza, Instituto Nacional de Enfermedades Respiratorias Ismael Cosío Villegas, CDMX, México.

*E-mail: kevins.ribs@gmail.com

Introducción y objetivo. La tuberculosis (TB) es una enfermedad infecciosa causada por *Mycobacterium tuberculosis* (*Mtb*). La exposición al bacilo puede llevar a infección latente (iTBL) o a tuberculosis pulmonar activa (TBA), esta última con síntomas, inflamación y contagio. Estudios previos han mostrado que en TBA, pero no en iTBL, hay mayor frecuencia de monocitos TLR2⁺ y niveles elevados de factores plaquetarios como VEGF-A, PDGF-BB y PF4, asociados a inflamación. Además, se ha sugerido que los complejos monocito/plaqueta promueven inflamación. Este estudio evaluó si los índices de inflamación inmunitaria sistémica (SII) y de respuesta inflamatoria sistémica (SIRI) pueden funcionar como biomarcadores de inflamación severa en TBA.

Métodos. Estudio descriptivo, transversal con 213 participantes reclutados en el INER (2018–2024), clasificados en: 1) No infectados (NI, QuantiFERON⁻, n=60); 2) iTBL (QuantiFERON⁺, n=65); y 3) TBA (baciloscopia y GenXpert⁺, n=88). Se calcularon las relaciones celulares Neutrófilo/LinfócitoR, Monocitos/LinfócitoR, Plaqueta/LinfócitoR, Plaqueta/MonocitoR y Plaqueta/NeutrófiloR, así como los índices SII (P*N/L) y SIRI

(N*M/L). El análisis estadístico se realizó con GraphPad Prism v10.

Resultados Las edades fueron similares entre grupos. Las comorbilidades más frecuentes en TBA fueron anemia (52%) y diabetes tipo 2 (38%). En comparación con iTBL, TBA mostró incrementos significativos en NLR, MLR, PLR y PNR (todos p<0.0001), mientras que PMR mostró tendencia (p=0.05). También se observaron aumentos significativos en SII y SIRI (p<0.0001), independientemente de comorbilidades. Los puntos de corte >995 (SII) y >1.6 (SIRI) mostraron una especificidad del 90% y 91%, respectivamente, para inflamación en TBA. El 54% de los TBA presentaron alteraciones tomográficas (cavitaciones y árbol en gemación) pero no correlacionaron con SII y SIRI.

Conclusión. SII y SIRI son útiles para identificar inflamación severa en TBA. Su incorporación clínica podría mejorar el seguimiento de pacientes. Se requiere evaluar su correlación con mediadores plaquetarios para explorar su aplicación en el seguimiento del eje inflamación/trombosis.



REMexTB



Área de investigación: TB pediátrica

Deficiencia autosómica completa recesiva de IFN- γ R1 en lactante con infección por *M. tuberculosis* que aparenta infección por BCG

Espinosa Padilla Sara¹, Gómez Tello Héctor², Bustamante Jacinta³, Blancas Galicia Lizbeth^{1*}

¹. Laboratorio de Inmunodeficiencias, Instituto Nacional de Pediatría, Ciudad de México, México. ². Departamento de Inmunología, «Hospital del Niño Poblano», Puebla, México.

³. Laboratorio de Genética Humana de Enfermedades Infecciosas, Necker Branch, Hospital Necker para Niños Enfermos, París, Francia. E-mail: blancas.lizbeth@gmail.com

Introducción y objetivo. La deficiencia autosómica recesiva completa del receptor 1 de interferón-gamma (IFN- γ R1) es un error innato de la inmunidad (IEI). Estos pacientes carecen de respuesta al IFN- γ ; sus manifestaciones incluyen infecciones graves causadas por micobacterias. En este estudio, presentamos un paciente con una variante patogénica (c.672G>A) en *IFNGR1* que contrajo la infección por *Mycobacterium tuberculosis*, sin embargo, el paciente presentó manifestaciones clínicas sugestivas de infección por BCG.

Métodos. Varón de cuatro meses, hijo de padres consanguíneos de una comunidad rural. Recibió una vacuna BCG (cepa Tokio 172) en la región deltoidea derecha al nacer, pero desarrolló una masa de 20

× 20 mm en la región axilar derecha tres semanas después. A pesar de recibir medicación antiinflamatoria, la masa no remitió. A los 3 meses de edad, la paciente presentó aumento de tamaño del tumor, fiebre, y fue ingresada a hospital para su evaluación.

Resultados. La prueba de dihidrorodamina fue normal. La prueba del panel genético del IEI reveló una variante patogénica homocigota prevista en *IFNGR1*, c.672G>A (p.Trp224*).

Conclusión. Los lactantes con reacciones adversas por BCG debe hacer diagnóstico diferencial con un EII a través de estudios genéticos. *M. tuberculosis* y no solo BCG son responsables de la infección de estos pacientes.



REMexTB



CICESE

TUBERCULOSIS
y otras
MICOBACTERIOSIS
2025

Área de investigación: **TB pediátrica**

TUBERCULOSIS PERICÁRDICA EN PACIENTE PEDIÁTRICO: REPORTE DE CASO Y REVISIÓN DE LA LITERATURA

Cornejo- Alcántara Kenia¹; Montoya- Espain Jesús Gonzalo¹;
López- López Reyna Karely¹; Aguilar-Murillo Santa America¹;
Valdez- Loya Hannia Jeannine¹; Sandoval- Meza Sergio
Humberto²

¹. Facultad de Medicina y Psicología, Campus Otay, Universidad Autónoma de Baja California.

². Departamento de Epidemiología del Hospital General Tijuana, Baja California, México

E-mail: cornejok@uabc.edu.mx

Introducción y objetivo. La tuberculosis pericárdica (TBP) es una manifestación extrapulmonar infrecuente de la tuberculosis, especialmente en la población pediátrica. En México se estima una tasa de incidencia anual del 8.2% en pacientes menores de 19 años. El propósito de este trabajo es describir un caso inusual de tuberculosis extrapulmonar.

Métodos. Se presenta caso clínico de paciente pediátrico con sospecha de TBP. Se realizó una revisión literaria utilizando PubMed y Google Académico para encontrar estudios que reportaran casos de TBP en niños y adultos en todos los países y regiones, con menos de 10 años de publicación en inglés y español, siendo un total de 8 publicaciones recopiladas.

Resultados. Masculino de 12 años residente de Tijuana con antecedente de contacto familiar con tuberculosis. Ingresó en diciembre de 2024 por pérdida de peso, tos seca y diaforesis nocturna. Se identificó derrame pleural derecho masivo y derrame pericárdico con riesgo de taponamiento cardíaco. El análisis del líquido pericárdico

reveló un exudado con predominio de PMN. Se realizó drenaje pleural, pericárdico y ventana pericárdica. Se inició tratamiento antifímico y esteroides el 18/12/2024: DOTBAL (3 tabletas/día), DOTBAL-S (1/3 tableta/día) y esteroide sistémico (Prednisona en descenso progresivo). El 31/12/24 se egresa a su domicilio con mejoría, hemodinámicamente estable, sin datos de dificultad respiratoria, con buena respuesta al tratamiento antifímico y su mantenimiento en casa. Pese a las pruebas confirmatorias negativas, se diagnostica con tuberculosis pericárdica debido al derrame pericárdico con predominio mononuclear, fracaso al tratamiento antibiótico empírico y el historial de contacto de tuberculosis.

Conclusión. Debido a su presentación clínica insidiosa y la baja sensibilidad de las pruebas microbiológicas dificultan su diagnóstico, contrario a esto su tratamiento oportuno antituberculoso, con o sin cirugía, suele ser eficaz, como fue el caso del paciente presentado.