

# MLVA Based Classification of *Mycobacterium tuberculosis* Complex Lineages for a Robust Phylogeographic Snapshot of Its Worldwide Molecular Diversity

Véronique Hill<sup>1</sup>, Thierry Zozio<sup>1</sup>, Syndia Sadikalay<sup>1</sup>, Sofia Viegas<sup>2</sup>, Elisabeth Streit<sup>1</sup>, Gunilla Kallenius<sup>3</sup>, Nalin Rastogi<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup> WHO Supranational TB Reference Laboratory, TB and Mycobacteria Unit, Institut Pasteur de la Guadeloupe, Abymes, France, <sup>2</sup> National Institute of Health, Ministry of Health, Maputo, Mozambique, <sup>3</sup> Department of Clinical Science and Education, Södersjukhuset, Karolinska Institutet, Stockholm, Sweden

## Classificação de linhagens do complexo *Mycobacterium tuberculosis* baseado no MLVA numa visão filo-geográfica perante a sua diversidade molecular a nível mundial

O método de tipificação MLVA (multiple-locus variable-number tandem repeat analysis) baseia-se no número de repetições de determinadas sequências de DNA, constituídas por padrões de dois ou mais nucleótidos, no genoma de diferentes organismos. É útil para definir vias e fontes de transmissão de infecções por diferentes microrganismos, incluindo do complexo *Mycobacterium tuberculosis* (MTC). Perante dúvidas relativamente à capacidade de métodos de tipificação já utilizados em permitir uma correcta relação filogenética entre as estirpes do complexo, os autores deste artigo propuseram-se a desenvolverem um novo esquema de classificação do MTC baseado no método MLVA, sugerindo um novo agrupamento das linhagens para uma identificação genotípica das estirpes.

A classificação baseada neste método de tipificação agrupa as estirpes do MTC que são próximos filogeneticamente ou quase similares, apesar de os mesmos encontrarem-se distantes quando a classificação é baseada em padrões de outros métodos já utilizados para MTC. Com o trabalho realizado pelos autores, foram identificadas 7 linhagens principais, formando assim um novo esquema de agrupamento das estirpes relacionado com a distribuição geográfica, isto é, as linhagens filogenéticas ligadas com a sua distribuição mundial. Desta forma, o artigo dá a conhecer novas informações sobre os polimorfismos genotípicos dos patogéneos do complexo, estabelecendo uma nova forma de classificação.

Os resultados obtidos permitem-nos observar de melhor forma a história da evolução dos microrganismos relacionada com a história das populações e a sua migração. Para além disso, esta classificação genotípica das linhagens do MTC fornece, pela primeira vez, uma visão e interpretação filo-geográfica fiáveis da sua diversidade em todo o mundo.

Para mais informações, pode aceder ao artigo:

[MLVA Based Classification of \*Mycobacterium tuberculosis\* Complex Lineages for a Robust Phylogeographic Snapshot of Its Worldwide Molecular Diversity.](#)