

MICROBIOTA ASSOCIATED WITH THE UPPER RESPIRATORY TRACT OF PATIENTS WITH TUBERCULOSIS

Botero, L.E.^{1,3}, Delgado-Serrano, L.², Bustos, J.R.², Cepeda, M.L.², Anzola, J.M.², Robledo, J.³, Del Portillo, P.² and Zambrano, M.M.².

¹ Facultad de Medicina, Universidad Pontificia Bolivariana, Sede Central, Medellín

² Corporación Corpogen, Bogotá

³ Corporación para Investigaciones Biológicas, Medellín

ABSTRACT

Respiratory microbiota plays an important role in human health and can be involved in the *Mycobacterium tuberculosis* complex interaction - human host and the resulting infection process.

In order to characterize the structure of the microbiota of the respiratory tract in patients with tuberculosis and healthy individuals, samples from the airways (nasal swabs, oropharyngeal swabs and sputum samples) were processed for analysis of the hypervariable region V1-V2 16S rDNA using culture independent molecular techniques, specifically, Roche 454 pyrosequencing.

The majority (over 99%) of the sequences were from the phylum Firmicutes, Bacteroidetes, Proteobacteria, Actinobacteria and Fusobacteria; with differences in relative abundances and specific taxa associated with each of the sample types. Members of the family *Streptococcaceae* were significantly abundant in the oropharynx of patients with TB. Significant differences between patients with tuberculosis and healthy individuals were found in samples of the oropharynx. The bacterial diversity was higher in sputum samples, followed by oropharyngeal samples and nasal swabs.

The respiratory tract bacterial communities were similar to phylum level but varied in relative abundance and diversity indices. The oropharyngeal sample collected both TB patients and healthy individuals showed greater bacterial diversity so it can be used to assess changes in the microbiota in pulmonary tuberculosis.

A study with a larger number of individuals to analyze in more detail these communities at the time of infection and its outcome could allow a better understanding of the role of microbiota in tuberculosis.

Keywords

Microbiota; pulmonary tuberculosis; RNA ribosomal 16S; *Mycobacterium tuberculosis*.

MICROBIOTA ASOCIADA AL TRACTO RESPIRATORIO SUPERIOR EN PACIENTES CON TUBERCULOSIS

Botero, L.E.^{1,3}, Delgado-Serrano, L.², Bustos, J.R.², Cepeda, M.L.², Anzola, J.M.²,
Robledo, J.³, Del Portillo, P²., Zambrano, M.M².

¹ Facultad de Medicina, Universidad Pontificia Bolivariana, Sede Central, Medellín

² Corporación Corpogen, Bogotá

³ Corporación para Investigaciones Biológicas, Medellín

Resumen

La microbiota del tracto respiratorio tiene un importante papel en la salud humana y puede estar involucrada en la compleja interacción *Mycobacterium tuberculosis* – hospedero humano y el proceso infeccioso resultante.

Con el fin de caracterizar la estructura de la microbiota del tracto respiratorio en pacientes con tuberculosis y en individuos sanos, muestras de las vías aéreas (hisopado nasal, hisopado orofaríngeo y muestras de esputo) fueron procesadas para el análisis de la región hipervariable V1-V2 del gen 16S rDNA mediante técnicas moleculares independientes de cultivo, específicamente, pirosecuenciación con 454 de Roche.

La mayoría (más del 99%) de las secuencias provenían de los phylum Firmicutes, Bacteroidetes, Proteobacteria, Actinobacteria y Fusobacteria; con diferencias en las abundancias relativas y en taxones específicos asociados con cada uno de los tipos de muestras. Los miembros de la familia *Streptococcaceae* fueron significativamente abundantes en la orofaringe de los pacientes con TB. Diferencias significativas entre pacientes con tuberculosis e individuos sanos fueron halladas en las muestras de orofaringe. La diversidad bacteriana fue mayor en las muestras de esputo, seguida de las muestras de orofaringe y luego de las muestras nasales.

Las comunidades bacterianas del tracto respiratorio fueron similares a nivel de phylum pero variaron en la abundancia relativa y en los índices de diversidad. La muestra de orofaringe recolectada tanto de pacientes con tuberculosis e individuos sanos mostró mayor diversidad bacteriana por lo que puede ser usada para evaluar los cambios de la microbiota en tuberculosis pulmonar, pero un estudio con mayor número de individuos que permita analizar en mayor detalle estas comunidades en el tiempo de la infección y su desenlace podría permitir un mejor entendimiento del papel de la microbiota en la tuberculosis.

Palabras clave

Microbiota; tuberculosis pulmonar; ARN ribosómico 16S; *Mycobacterium tuberculosis*.

Bibliografía

- Botero, LE., Delgado-Serrano, L, Cepeda, ML, Bustos, JR, Anzola, JM.; Del Portillo, P.; Robledo, J. and Zambrano, MM. Respiratory tract clinical sample selection for microbiota analysis in patients with pulmonary tuberculosis. *Microbiome* 2014 2:29. PMID: PMC4164332 DOI: 10.1186/2049-2618-2-29
- Botero, LE., Delgado-Serrano, L, Cepeda, ML, Del Portillo, P. and Zambrano, MM. The human microbiota: the role of microbial communities in health and disease. *Acta biol. Colomb.* 2016;21(1):5-15. doi: [Http://dx.doi.org/10.15446/abc.v21n1.49761](http://dx.doi.org/10.15446/abc.v21n1.49761)