

Découverte de nouveaux complexes clonaux de *Mycobacterium tuberculosis* du génotype Beijing en Chine par des analyses phylogénétique et bayésienne de 24-loci MIRU-VNTRs

Ce nouveau travail collaboratif entre les chercheurs de l'Unité Tuberculose et Mycobactéries de l'Institut Pasteur de la Guadeloupe et le College of Life Sciences, Sichuan University (Chengdu - Chine), a permis de mettre en évidence une restriction géographique très marquée de certaines sous-lignées de *Mycobacterium tuberculosis* génotype Beijing dans des régions chinoises et à Taiwan auparavant non étudiées. A partir des données de typage moléculaire de 16090 souches de *M. tuberculosis* provenant de la presque totalité des provinces chinoises (excepté Macao), les chercheurs ont d'abord étudié les profils de spoligotypage (disponibles pour 12674 souches) mettant en évidence 76.35% de souches appartenant à la lignée Beijing ; cette lignée apparaît largement dominante dans ces régions (représentant 3/4 des isolats du nord, de l'est, de l'ouest et du centre, mais une proportion plus faible dans les provinces du sud). Des analyses phylogénétiques et des analyses bayésiennes sur la structure des populations à partir de données 24-loci MIRU-VNTR (n=1490, 6 régions) ont révélé l'existence de 5 groupes appelés ici Beijing subpopulations 1 à 5 (BSP1 à BSP5). Les chercheurs ont finalement caractérisé 3 nouveaux complexes clonaux (BSP1, BSP2 et BSP3) présentant une spécificité phylogéographique pour les régions du Sichuan, du Chongqing et de Taiwan respectivement. Quant aux groupes BSP4 et BSP5, ils peuvent être vus comme les épitomes en Chine des sous lignées dite ancienne et moderne de Beijing. Les auteurs de cette publication suggèrent qu'une telle restriction géographique pourrait correspondre à une adaptation de souches dite « spécialistes écologique » au populations humaines locales, en contraste avec des souches dites « généralistes », capables de s'adapter à différentes populations humaines et donc de se disperser à l'échelle mondiale.

New *Mycobacterium tuberculosis* Beijing clonal complexes in China revealed by phylogenetic and Bayesian population structure analyses of 24-loci MIRU-VNTRs

In a new collaborative work of researchers from the TB & Mycobacteria Unit of Institut Pasteur de la Guadeloupe and the College of Life Sciences, Sichuan University, Chengdu (China), provided new evidence for "geographical restriction" of certain Beijing genotype sublineages of *Mycobacterium tuberculosis* to previously unstudied regions in mainland China and Taiwan. Starting with data on a total of 16090 *M. tuberculosis* isolates collected from almost every province (excluding Macao), they firstly studied spoligotype profiles (available for 12674 isolates); among these 76.35% strains (n=9676) belonged to the Beijing lineage. Focusing on geographical distribution, they found that Beijing lineage strains were largely predominant in each region (3/4 of the isolates in the north, east, west and center of China, and a lesser proportion in southern provinces). A phylogenetic and Bayesian population structure analyses of 24-loci MIRU-VNTR data (available on 1490 Beijing isolates from 6 regions), divided the Beijing strains into 5 groups named Beijing subpopulations 1 to 5 (BSP1 to BSP5). Finally, the researchers characterize three "new clonal complexes" (BSP1, BSP2 and BSP3) showing phylogeographical specificities to respectively Sichuan, Chongqing and Taiwan. On the other hand, BSP4 and BSP5 could be regarded as the epitomes of reported global ancient and modern Beijing sublineages in China, respectively. The authors suggest that such geographical restriction could correspond to adaptation of these "ecological specialist" Beijing isolates to local human host populations in contrast with "generalist pathogens", which are able to adapt to several human populations and to spread worldwide.

Référence: Zheng C, Reynaud Y, Zhao C, Zozio T, Li T, Luo D, Sun Q, Rastogi N. 2017. New *Mycobacterium tuberculosis* Beijing clonal complexes in China revealed by phylogenetic and Bayesian population structure analyses of 24-loci MIRU-VNTRs. Scientific Reports 2017 Jul 20;7: 6065. doi: <http://dx.doi.org/10.1038/s41598-017-06346-1>

Lien court: <http://rdcu.be/ukzv>

Lien : <https://www.nature.com/articles/s41598-017-06346-1>

Contacts : yreynaud@pasteur-guadeloupe.fr ; nrastogi@pasteur-guadeloupe.fr

New *Mycobacterium tuberculosis* Beijing clonal complexes in China

Chao Zheng, Yann Reynaud, Changsong Zhao, Thierry Zozio, Song Li, Dongxia Luo, Qun Sun & Nalin Rastogi

SCIENTIFIC REPORTS

