

# DETECÇÃO DE UMA INSERÇÃO DE NUCLEOTÍDEOS NO GENE *rpoB* DE *Mycobacterium tuberculosis* RELACIONADA COM RESISTÊNCIA À RIFAMPICINA

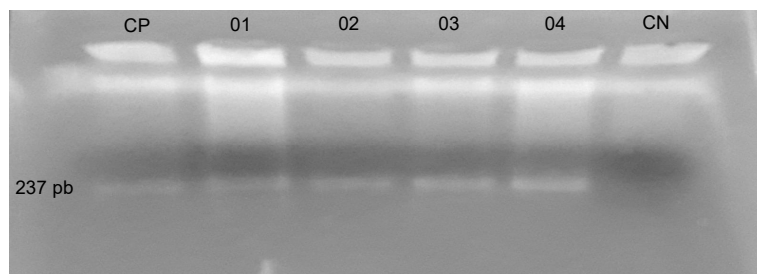
BANDEIRA, Jéssica<sup>1</sup>; BELLO, Grazielle<sup>3</sup>; ROSSETI, Maria Lucia<sup>2</sup>  
Universidade Luterana do Brasil - ULBRA

**Introdução** A tuberculose (TB) é causada pelo *Mycobacterium tuberculosis*, que afeta principalmente os pulmões. O Brasil está na 20<sup>o</sup> posição entre os países com carga elevada de TB e é considerado um dos países prioritários para controle da doença pela Organização Mundial da Saúde (OMS). A resistência aos fármacos utilizados no tratamento é uma das principais dificuldades para a erradicação da doença, visto que isso diminui a eficácia do tratamento, aumentando a transmissão. Considerando a TB como uma das doenças infecciosas que mais causa mortes no mundo e a necessidade de aumentar a vigilância destes isolados altamente resistentes, identificar os isolados resistentes é uma forma importante de controle. A resistência em *M. tuberculosis* está, principalmente, relacionada a mutações gênicas, como no caso da resistência a rifampicina (RIF) onde mutações no gene *rpoB* são responsáveis por cerca de 95% dos casos de resistência. Assim, técnicas de identificação dessas mutações podem auxiliar em estudos epidemiológicos.

**Objetivos** Detectar a presença de uma inserção de 12 nucleotídeos no gene *rpoB* de *Mycobacterium tuberculosis* através da técnica molecular de PCR, padronizar uma técnica de PCR convencional utilizando DNA extraído de isolados clínicos de cultura de *M. tuberculosis* e comparar os resultados da técnica de PCR com o sequenciamento.

**Metodologia** Para a realização do desenho dos primers, foi utilizada a ferramenta de bioinformática Primer3Plus. A detecção dos amplicons (fragmento de 237 pb) foi feita por eletroforese, em gel de agarose (1,5%) e corado com brometo de etídeo. Para avaliação inicial, foi utilizado um total de 20 amostras de DNA previamente sequenciados (amostras de conveniência).

## Resultados



A análise por PCR detectou a presença da inserção em 10 (50%) amostras, enquanto as demais (10/20), não apresentaram amplificação. Os resultados obtidos por PCR tiveram 100% de concordância com o sequenciamento.

**Conclusão** Dessa forma, através destas análises preliminares, utilizando uma detecção simples por PCR convencional, foi possível identificar uma cepa altamente resistente à RIF, validando o potencial promissor do estudo e demonstrando ser indispensável a estratégia de novos ensaios para aprimorar o monitoramento da extensão de transmissão de *M. tuberculosis* e de seus respectivos tratamentos.

**Referências** BRASIL. Ministério da Saúde [base de dados online]. Brasília: **Manual de Recomendações para o Controle da Tuberculose no Brasil**. 2019 [acesso em 20 de Junho de 2021]. <http://www.aids.gov.br/pt-br/pub/2019/manual-de-recomendacoes-para-o-controle-da-tuberculose-no-brasil>

Maria Lucia Rossetti, Pedro Eduardo Almeida da Silva, Richard Steiner Salvato, Ana Júlia Reis, Sun Hee Schiefelbein, Andrea von Groll, Regina Bones Barcellos, Raquel Maschmann, Leonardo Souza Esteves, Fernanda Spies, Rubia Raubach Trespach, Elis Regina Dalla Costa, Hermes Luís Neubauer de Amorim, **A highly rifampicin resistant *Mycobacterium tuberculosis* strain emerging in Southern Brazil**, Tuberculosis, Volume 125, 2020. <https://doi.org/10.1016/j.tube.2020.102015>.

Salvato, R., Schiefelbein, S., Barcellos, R., Praetzel, B., Anusca, I., Esteves, L., Rossetti, M. (2019). **Molecular characterisation of multidrug-resistant *Mycobacterium tuberculosis* isolates from a high-burden tuberculosis state in Brazil**. *Epidemiology and Infection*, 147, E216. <https://doi.org/10.1017/S0950268819001006>

WHO. Global tuberculosis report 2020. 2020 <https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/336069/9789240013131-eng.pdf>