

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

BANDEIRA, Jéssica¹; BELLO, Grazielle². ROSSETI, Maria Lucia³

Palavras-chave: Rifampicin, Drug-resistence, Tuberculosis, *rpoB*

A tuberculose (TB) é causada pelo *bacilo de Koch* (BK) e a espécie mais relevante para a vigilância em saúde é o *Mycobacterium tuberculosis*, que afeta principalmente os pulmões. O Brasil está na 20ª 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 umas das doenças infecciosas que mais causa mortes no mundo e a necessidade de aumentar a vigilância destes isolados altamente resistentes, este estudo teve por objetivo detectar a presença de uma inserção de 12 nucleotídeos no códon 435 do gene *rpoB* (responsável por cerca de 95% dos casos de resistência ao fármaco Rifampicina – RIF) de *Mycobacterium tuberculosis*, através da técnica molecular de reação em cadeia da polimerase (PCR), e comparar os resultados da PCR com o sequenciamento. Para a realização do design da sequência 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 extraído de cultura do patógeno, provenientes de pacientes com TB (amostras de conveniência). 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. 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:

Rossetti, ML; Da Silva, PEA; Salvato, RS; Reis, AJ; Schiefelbein, SH; Von Groll, A; Barcellos RB; Maschmann, R; Esteves, LS; Spies, F; Trespach, RR; Dalla Costa, ER; Amorim, HLN. **A highly rifampicin resistant *Mycobacterium tuberculosis* strain emerging in Southern Brazil**, Tuberculosis, Volume 125, 2020. <https://doi.org/10.1016/j.tube.2020.102015>.

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

¹ Acadêmica do Curso de Biomedicina da Ulbra e bolsista PIBIC/CNPq

² Doutoranda do PPGBiosaúde, Universidade Luterana do Brasil (ULBRA), CAPES, grazibello@gmail.com

³ Orientadora, docente do PPGBiosaúde, Universidade Luterana do Brasil (ULBRA), CNPq, maria.rossetti@ulbra.br