

245

AVALIAÇÃO EPIDEMIOLÓGICA MOLECULAR DE ISOLADOS DE *Mycobacterium tuberculosis* PROVINDOS DE UM CENTRO DE SAÚDE AMBULATORIAL PÚBLICO. Michele

Borges, Andréia R. M. Valim, Lia G. Possuelo, Maria Lucia R. Rossetti (Centro de desenvolvimento Científico e Tecnológico-CDCT-FEPPS; Centro de Biotecnologia, CBIOT/UFRGS; Dept^o de Bioquímica, UFRGS; Universidade Luterana do Brasil-ULBRA).

Tuberculose (TB) é uma enfermidade antiga que ainda se mantém como um dos maiores males da humanidade no século XXI. A cada segundo um indivíduo é infectado pelo bacilo *Mycobacterium tuberculosis*, agente causador da TB. Cerca de um terço da população mundial está infectado pelo bacilo da TB, e anualmente cerca de dois milhões de pessoas falecem de uma enfermidade curável. Nas últimas décadas o advento de novas tecnologias de biologia molecular tem levado a um aumento na investigação da etiologia, detecção, e epidemiologia da tuberculose. O objetivo deste estudo foi avaliar o grau de similaridade entre as linhagens de *M. tuberculosis* entre isolados provenientes do Centro de Saúde Navegantes, através da técnica de RFLP (Restriction Fragment Length Polymorfism). Esta metodologia baseia-se no elemento de inserção IS6110, e permite identificar as variações em número e posição do fragmento, gerando padrões específicos para cada linhagem. A genotipagem dos isolados revelou que dentre os 55 isolados, foram encontrados 45 (82%) padrões únicos de bandas e destes, 10 (18%) foram incluídos em 5 distintos “cluster”. Foram encontradas 3 famílias, com 2 isolados cada, que diferenciaram em uma única banda. Informações sobre sexo, idade, tratamento prévio, HIV, alcoolismo foram analisados. Foi encontrada relação epidemiológica entre 6 (60%) pacientes que formaram “clusters”. Os resultados obtidos pela epidemiologia convencional confirmam aqueles encontrados pela epidemiologia molecular, demonstrando que está ocorrendo transmissão recente entre estes pacientes. (CNPq)