

065

**ANÁLISE MOLECULAR DE MUTAÇÕES NO GENE *katG* EM *Mycobacterium tuberculosis* NOS ESTADOS DO RIO DE JANEIRO, SÃO PAULO E RIO GRANDE DO SUL.** Simone G. Senna , Márcia S. N. Silva<sup>1</sup>, Rosa Dea Sperhake<sup>1</sup>, Andréia M. Valim<sup>1,2</sup>, Marta O. Ribeiro<sup>1</sup>, Arnaldo Zaha<sup>2</sup>, Maria Lúcia Rossetti .  
(1.Laboratório Central do Rio Grande do Sul- FEPPS-LACEN/RS, 2. Centro de Biotecnologia- UFRGS)

A tuberculose (TB) causada pelo *Mycobacterium tuberculosis*, é uma doença infecto-contagiosa prevalente no Brasil, constituindo um sério problema de saúde pública, sendo que, a estimativa anual desta doença é 120.000 novos casos. Estudos genéticos de *M. tuberculosis* vêm contribuindo para o entendimento dos mecanismos de ação e resistência a agentes contra tuberculose. A isoniazida (INH) é uma das drogas mais antigas utilizadas no tratamento da TB e sua resistência parece estar associada a uma variedade de mutações que afetam um ou mais genes e com a redução de atividade da catalase e peroxidase. Com o objetivo de estudar as mutações envolvidas na resistência à isoniazida, analisou-se o DNA de 45 amostras resistentes dos Estados de São Paulo, Rio de Janeiro e Rio Grande do Sul para o gene *katG*. A análise baseou-se na técnica de SSCP, onde 32 amostras das 45 analisadas, apresentaram alteração na mobilidade eletroforética, sugerindo mutação no aminoácido 315 (troca de serina por treonina). As 13 amostras resistentes, conforme os testes convencionais, que não apresentaram alteração no SSCP, podem provavelmente ser sensíveis à droga ou apresentar alguma alteração em outra região do gene *katG*. Estudos estão sendo realizados para verificar estes dados.(Apoio: FAPERGS)

1

1