

**IDENTIFICAÇÃO DE LINHAGENS DE *Mycobacterium tuberculosis* ATRAVÉS DAS TÉCNICAS DE RFLP (RESTRICTION FRAGMENT LENGTH POLYMORPHISM) E DRE-PCR (DOUBLE- REPETITIVE- ELEMENT PCR): UMA COMPARAÇÃO.** *Patricia I. Cafrune*<sup>1,2</sup>, *Marta O. Ribeiro*<sup>2</sup>, *Susana B.V. Jardim*<sup>2</sup>, *Rosa D. Sperhake*<sup>2</sup>, *Andréia R.M. Valim*<sup>1,2</sup>, *Maria L.R. Rossetti*<sup>2</sup> e *Arnaldo Zaha*<sup>1</sup>. (1.Departamento de Biologia Molecular e Biotecnologia/UFRGS; 2.Laboratório Central do Rio Grande do Sul/LACEN-RS, Fundação Estadual de Produção e Pesquisa em Saúde/FEPPS).

O DRE-PCR (Double-Repetitive-Element Polymerase Chain Reaction) e o RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) são técnicas de genotipagem, utilizadas na identificação de linhagens de *M. tuberculosis*. O primeiro, baseia-se na amplificação de segmentos de DNA do *M. tuberculosis* localizados entre cópias de IS6110 (Insertion Sequence) e de PGRS (Polymorphic GC-rich Repetitive Sequence). O RFLP do elemento IS6110 mostra a variabilidade do número e da posição deste fragmento gerando padrões específicos para cada linhagem. A genotipagem de *M. tuberculosis* apresenta-se como uma importante ferramenta em estudos epidemiológicos. O presente trabalho tem como objetivo analisar e comparar os resultados obtidos em isolados de *M. tuberculosis*, de pacientes da Rede de Saúde Pública do RS por estas duas técnicas. Foram analisadas 76 amostras por RFLP, mostrando 56 padrões de bandas diferentes. 46 amostras apresentaram padrão não 'cluster' e 30 foram agrupadas em 9 diferentes padrões 'cluster'. Padrões 'cluster' são aqueles com igual número e posição de bandas em duas ou mais amostras. 27 amostras foram analisadas por DRE-PCR apresentando 20 padrões de banda diferentes. 15 amostras apresentaram padrão não 'cluster' e 12 foram agrupadas em 5 padrões 'cluster'. As amostras que apresentaram o mesmo padrão sugerem um ancestral comum. Todos os resultados obtidos por DRE-PCR foram concordantes com os obtidos pelo RFLP, entretanto, o número de amostras precisa ainda ser aumentado para confirmar tais resultados. (Apoio: FAPERGS, CNPq- PIBIC/UFRGS).