

124

**COMPARAÇÃO DAS TÉCNICAS DE DOUBLE REPETITIVE ELEMENT PCR (DRE-PCR) E RESTRICTION FRAGMENT LENGTH POLYMORPHISM (RFLP) PARA A IDENTIFICAÇÃO DE LINHAGENS DE MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS.** *P.I.Cafrune*<sup>1,2</sup>, *M.O.Ribeiro*<sup>2</sup>, *S.V.Jardim*<sup>2</sup>, *R.D.Sperhacker*<sup>2</sup>, *A.R.M.Valim*<sup>1,2</sup>, *M.L.R.Rossetti*<sup>2</sup> *A.Zaha*<sup>1</sup>.

Departamento de Biologia Molecular e Biotecnologia, Centro de Biotecnologia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul<sup>1</sup>, LACEN-RS<sup>2</sup>.

A tuberculose é uma doença que tem como agente causador o *Mycobacterium tuberculosis*. Esta espécie de micobactéria divide-se em várias linhagens, podendo ser caracterizadas por variações em seu genoma. A subtipificação de *M. tuberculosis* por técnicas moleculares apresenta-se como uma ferramenta de grande relevância em estudos epidemiológicos, podendo ser utilizada no rastreamento da origem de surtos da doença, rotas de transmissão, avaliação da eficiência de programas de controle da doença, entre outros. Apesar dos trabalhos de subtipificação de *M. tuberculosis* apresentarem boas perspectivas, os resultados ainda são controversos quando o objetivo é definir qual das técnicas é mais eficiente. A eficiência de uma técnica de subtipificação está diretamente relacionada com sua capacidade discriminatória de um maior número de linhagens. O DRE-PCR é um método baseado na amplificação de segmentos de DNA de *M. tuberculosis* localizados entre duas cópias de seqüências repetitivas, IS (Insertion Sequence) 6110 e PGRS (Polymorphic GC-rich Repetitive Sequence). O RFLP é uma técnica que explora a variabilidade tanto em número quanto em posição genômica do IS6110 para gerar padrões específicos para cada espécie. No presente trabalho, amostras de isolados de *M. tuberculosis*, do Estado do Rio Grande do Sul serão analisadas por DRE-PCR e RFLP, tendo os resultados comparados. Foram analisadas 27 amostras por RFLP até o momento. Estas apresentaram 22 padrões diferentes de número e posição de bandas. A variação foi entre 4 e 15 bandas. As amostras que apresentaram o mesmo padrão possivelmente são micobactérias derivadas de um mesmo clone. Após a análise desses isolados por DRE-PCR, os resultados obtidos por ambos os métodos serão comparados. (Apoio: CNPQ-PIBIC)