

299

KATG E A RESISTÊNCIA À ISONIAZIDA EM *MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS* NO ESTADO DO RIO GRANDE DO SUL. Simone G. Senna¹, Márcia S.N. Silva¹, Rosa Dea Sperhacker¹, Ludmila F. Beathgen¹, Marta O. Ribeiro¹, Arnaldo Zaha², Maria Lucia Rossetti¹ (¹ Laboratório Central do RGS-FEPPS-LACEN/RS, ² Centro de Biotecnologia –UFRGS).

Conhecida há milhares de anos, a tuberculose (TB) é uma doença infecto-contagiosa causada pelo *Mycobacterium tuberculosis* e, segundo a Organização Mundial da Saúde (OMS), 2 milhões de pessoas morrem a cada ano. A TB é adquirida pela inalação do bacilo, que posteriormente se localiza no pulmão, podendo disseminar-se para outro órgão causando a tuberculose extrapulmonar. A doença acomete principalmente pessoas nas faixas etárias correspondente à plenitude da capacidade reprodutiva (20 e 49 anos). A isoniazida (INH) é um dos fármacos mais antigos contra a tuberculose, atuando na inibição da síntese do ácido micólico. Três genes estão envolvidos na resistência à isoniazida, tais como o que codifica para catalase-peroxidase (gene *katG*), a enzima enoyl-ACP redutase (gene *inhA*) e alkyl hidroxidoperóxido redutase (gene *ahpC*). Estudos moleculares vêm contribuindo para o entendimento dos mecanismos de ação e resistência às drogas utilizadas no tratamento da TB. O trabalho tem como objetivo estudar as mutações envolvidas na resistência à INH. Para tanto, analisou-se o códon 315 do gene *katG* de 36 isolados de *Mycobacterium tuberculosis* do Rio Grande do Sul resistentes à isoniazida, através da técnica de SSCP e seqüenciamento. Os resultados mostraram que das 36 amostras analisadas, 29 (81%) apresentaram mutação no códon 315 do gene *katG* identificando a troca de uma serina por uma treonina (AGC-ACC) e 7 (19%) amostras não apresentaram mutação, indicando a possibilidade da resistência estar em outra região do gene *katG* ou em outros genes, que ainda não foram analisados (Apoio: Fapergs).