**Genotipagem do *Mycobacterium tuberculosis* circulante na população carcerária do Presídio Estadual de Rio Grande (PERG)**

**GUEDES, Liana Barcellos, SCAINI, João Luís Rheingantz, ROCHA, Jeane Zanini, VALENÇA, Mariana Soares, SILVA, Pedro Eduardo Almeida**

**VON GROLL, Andrea**

**lianabargue@gmail.com**

**Evento: Mostra de Produção Universitária - FURG**

**Área do conhecimento: Ciências Biológicas – Microbiologia Médica**

**Palavras-chave: TB prisional, epidemiologia, MIRU**

1 INTRODUÇÃO

A tuberculose (TB) em instituições carcerárias é um grave problema de saúde em todo o mundo afetando, principalmente, países em desenvolvimento como o Brasil, onde se encontra a quarta maior população prisional do mundo, com uma taxa de encarceramento de 260/100.000 habitantes (FOURNET, 2006).

As prisões encontram-se, em sua maioria, superlotadas, com baixo padrão de higiene, reduzida ventilação e iluminação. Somam-se a isso, fatores como: desnutrição, alcoolismo e drogadição, que também favorecem a infecção pelo *Mycobacterium tuberculosis* e o possível desenvolvimento de TB (VALENÇA, 2012). Além disso, grande parte dos detentos é oriunda de comunidades socialmente marginalizadas, onde a TB é altamente prevalente, enquanto o acesso à saúde é precário (MENEZES, 2002).

Para se entender a dinâmica de transmissão do agente causador da TB, o *Mycobacterium tuberculosis,* e favorecer na elaboração de estratégias de prevenção neste cenário, é necessário conhecer os genótipos das cepas circulantes, a fim de identificar se existe dispersão clonal ou diversidade das cepas isoladas (STUCKLER, 2008).

Dessa maneira, o objetivo deste estudo é realizar a caracterização molecular de isolados clínicos do *M. tuberculosis* procedentes da população carcerária da Penitenciária Estadual de Rio Grande (PERG), RS, Brasil.

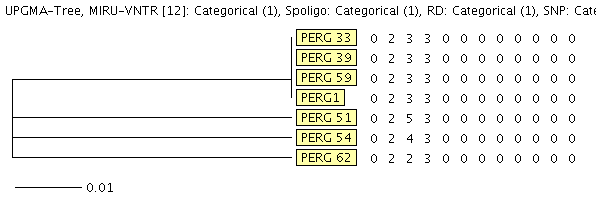
2 MATERIAIS E MÉTODOS

Este estudo foi realizado com sete isolados clínicos de *M. tuberculosis* obtidos de sete presidiários da PERG, diagnosticados com TB ativa no período de maio de 2010 a maio de 2011.

A diversidade clonal dos sete isolados clínicos de *M. tuberculosis* foi determinada pela técnica de MIRU (*Mycobacterial Interspersed Repetitive Unit*) utilizando 12 *loci* (SUPPLY, 2001). A construção do dendograma foi realizada no sítio eletrônico www.miru-vntrplus.org utilizando o método UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) para agrupamento dos isolados. Um agrupamento foi definido como a existência de pelo menos duas cepas de *M. tuberculosis* com padrões idênticos isolados de diferentes pacientes.

3 RESULTADOS e DISCUSSÃO

Até o momento foram analisados três *loci* de cada isolado clínico (Figura 1). Os resultados parciais demonstram que dos sete isolados clínicos, quatro apresentaram o mesmo número de alelos nos três *loci* analisados. Outros três isolados clínicos divergiram em umlócus, sendo possivelmente outras cepas.



http://www.miru-vntrplus.org/MIRU/treerenderer/treeImage24392.691110571453.png

Figura 1 – Dendograma obtido para três loci do método MIRU-VNTR de sete isolados clínicos do Mycobacterium tuberculosis.

4 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os resultados parciais com três *loci* ainda não permitem concluir se existe uma dispersão clonal do *Mycobacterium tuberculosis* na população carcerária estudada, o qual somente poderá ser corroborado com a realização dos 12 *loci.*

REFERÊNCIAS

Fournet, N.; Sanchez, A.; Massari, V. Development and evaluation of tuberculosis screening scores in Brazilian prisons. **Public Health**, v. 120, p. 976-983, 2006.

Menezes, R. P. O. Projeto de implantação de controle da tuberculose nas instituições penais do município de Salvador/BA. **Boletim de Pneumologia Sanitária**, v. 10, n. 2, p. 35-40, 2002.

Stuckler, D.; Basu, S.; Mckee, M.; King, L. Mass incarceration can explain population increases in TB and multidrug-resistant TB in European and central Asian countries. **PNAS**, v. 105, n. 36, p. 13280-13285, 2008.

Valença, M. S.; Rocha, J. Z.; Ramis, I. B. Improving tuberculosis control through academic and health care system partnership. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 45, n. 4, p. 491-495, 2012.

Supply, P.; Lesjean, S.; Savine, E.; Kremer, K.; van Soolingen, D.; Locht, C. Automated high-throughput genotyping for study of global epidemiology of *Mycobacterium tuberculosis* based on mycobacterial interspersed repetitive units. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 39, n. 10, p. 3563-3571, 2001.