
Caracterização das espécies de micobactérias isoladas de surtos pós-procedimentos invasivos quanto à diversidade e ao perfil genético

Natalia Fernandes Garcia de CARVALHO*, Erica CHIMARA, Lucilaine FERRAZOLL

Núcleo de Tuberculose e Micobacterioses, Centro de Bacteriologia, Instituto Adolfo Lutz

*Programa Institucional Brasileiro de Iniciação Científica (PIBIC/CNPq)

O gênero *Mycobacterium* contempla espécies do complexo *M. tuberculosis* e as denominadas Micobactérias não tuberculosas, constituindo um grupo de bactérias geneticamente distintas e, em sua maioria, de limitada patogenicidade². Estas podem ser classificadas de acordo com o tempo de crescimento em micobactérias de crescimento lento e em Micobactérias de Crescimento Rápido (MCR)⁴. As micobactérias podem ser encontradas em uma variedade de reservatórios ambientais como reservatórios de águas naturais, redes de armazenamento e distribuição de água, solo, protozoários, animais e humanos³. Além disso, são patógenos oportunistas que necessitam de uma abertura da defesa do hospedeiro para infectar o mesmo. Essas aberturas podem ocorrer por danos à barreira da mucosa ou da pele, doenças pulmonares de base ou imunossupressão causada por HIV, câncer ou drogas¹. Devido a sua natureza ambiental e oportunista, as MCRs estão relacionadas com muitas

infecções nosocomiais. O objetivo deste trabalho foi caracterizar os isolados de MCR provenientes de surtos no estado de São Paulo no período de 2007 a 2011 por sequenciamento do gene *rpoB* e pela técnica *Pulsed Field Gel Electrophoresis* (PGFE). Foram avaliados 34 isolados de MCR provenientes da cidade de São José do Rio Preto (SJRP), 35 de Campinas, oito de Assis e dois de Santos. A identificação por PRA-*hsp65* e o sequenciamento do gene *rpoB* revelaram que, dos isolados de SJRP, 30 eram *M. abscessus* ssp *bolletii* e quatro *M. cosmeticum*/ *M. canariasense*. Dos isolados de Campinas, 26 eram *M. fortuitum* e 7 *M. abscessus* ssp. *bolletii*. Todos os isolados de Assis eram *M. abscessus* ssp. *bolletii* e de Santos, um era *M. abscessus* ssp. *bolletii* e outro *M. abscessus* ssp. *abscessus*. A análise de 50 isolados por PFGE mostrou seis grupos genéticos distintos. Os isolados de *M. fortuitum* foram agrupados em dois grupos (MF1, MF2), os isolados de *M. abscessus* ssp. *abscessus* em um grupo (MAA1) e os isolados de *M. abscessus* ssp. *bolletii* em três grupos (MAB1, MAB2, MAB3). O

grupo MAB3 corresponde ao perfil encontrado nas cepas causadoras do surto brasileiro, sendo CRM 273 a cepa tipo. Esses dados comprovaram a ocorrência de surtos e um pseudosurto nas regiões estudadas.

REFERÊNCIAS

1. Jarzembowski JA, Young MB. Nontuberculous Mycobacterial Infections. Archives of Pathology & Laboratory Medicine, Ag, 2008; vol. 132, n. 8, p.1333-1341.
2. McNabb A, Eisler D, Adie K, Amos M, Rodrigues M, Stephens G, Black WA, Isaac-Renton J. Assessment of partial sequencing of the 65-kilodalton heat shock protein gene (*hsp65*) for routine identification of *Mycobacterium* species isolated from clinical sources. Journal of Clinical Microbiology, Jul, 2004; vol. 42, n. 7, p. 3000-11.
3. Primm TP, Lucero CA, Falkinham JO. 3rd. Health impacts of environmental mycobacteria. Clinical Microbiology Reviews, Jan. 2004; vol.17, n.1, p. 98-106.
4. Runyon EH. Anonymous mycobacteria in pulmonary disease. Medical Clinics of North America, Jan. 1959; vol. 43, n. 1, p. 273-90.