



Título: IDENTIFICAÇÃO DE *MYCOBACTERIUM AVIUM* ENTRE SUSPEITOS DE TUBERCULOSE

Caroline Busatto, Ana Bárbara Scholante Silva, Andrea Von Groll, Daniela Ramos, Pedro Eduardo Almeida da Silva, Ivy Bastos Ramis

Universidade Federal do Rio Grande – FURG, Rio Grande, RS, Brasil.

E-mail: caroline-busatto@hotmail.com

Introdução: As infecções causadas por micobactérias oportunistas têm se tornado mais frequentemente relatadas. Um percentual significativo de indivíduos infectados com o HIV desenvolvem tuberculose (TB), enquanto outros desenvolvem infecções com outras micobacterias, como por exemplo, membros do complexo *M. avium*. Considerando que o tratamento para a TB é inócuo para as demais micobacterioses faz-se necessário a correta identificação do microrganismo envolvido. **Objetivo:** Identificar, através do sequenciamento de regiões variáveis do gene *hsp65* a frequência de *M. avium* entre suspeitos de TB em um hospital no extremo sul do Brasil. **Método:** Foi realizado um estudo retrospectivo, entre 1º de janeiro à 31 de dezembro de 2015, envolvendo amostras de DNA, provenientes de isolados com características macro e microscópicas de micobactérias, obtidas de pacientes suspeitos de TB, encaminhadas ao Laboratório de Micobactérias do Hospital Dr. Miguel Riet Correa Jr., na cidade do Rio Grande – RS. Inicialmente foi realizada PCR, para detecção do elemento de inserção *IS 6110*, como ferramenta para identificar membros do complexo *M. tuberculosis*. Na ausência da inserção, foi realizada uma nova PCR, para detecção de um fragmento do gene *hsp65* seguido do sequenciamento deste fragmento para identificação da espécie de micobactéria envolvida. **Resultados:** 30,4% (148/486) dos pacientes foram infectados com cepas identificadas como membros do complexo *M. tuberculosis* e 6,1% (30/486) como outros microrganismos. Entre estes isolados 43% (13/30) foram identificados como *M. avium*, seguido por *Rhodococcus* spp, *Rothia mucilaginosa*, *Gordonia* spp, *Cryobacterium* spp 3,3% (1/30) cada, *Streptomyces* spp 20% (6/30), *Nocardia* spp, *Corynebacterium* spp 6,6% (2/30) cada, e 3,3% (1/30) *M. monacense*. Interessantemente duas cepas caracterizadas como membros do gênero *Mycobacterium*, foram *IS 6110* negativo e após o sequenciamento do *hsp65* foram identificadas como membro do Complexo *Mycobacterium tuberculosis*. A correta identificação está em andamento através de outros biomarcadores. Dentre os pacientes dos quais foi isolado os microrganismos não pertencentes ao complexo *M. tuberculosis*, 50% (15/30) eram HIV positivos, sendo *M. avium* 46,6% (7/15), *Rothia Mucilaginosa* 6,6% (1/15), *Cryobacterium* spp 6,6% (1/15), *Streptomyces* spp 6,6% (1/15), *Corynebacterium* spp 6,6% (1/15), *M. monacense* 6,6% (1/15) e Complexo *M. tuberculosis* 20% (3/15). **Considerações finais:** A frequência de infecções com micobactérias

oportunistas é frequente em pacientes co-infectados com o HIV. Além disso, outros microrganismos BAAR também tem sido descritos como agentes etiológicos de infecções em imunodeprimidos. Este estudo mostrou um amplo espectro de microrganismos BAAR, inclusive alguns não pertencentes ao gênero *Mycobacterium*, indicando a necessidade de ampliar a acurácia do diagnóstico microbiológico, de forma a contribuir para a resolução da enfermidade.

Palavras-chave: Micobactérias; Sequenciamento; HIV; *Mycobacterium Avium*.