

## 149 - TIPAGEM MOLECULAR DE ISOLADOS DE *NEISSERIA MENINGITIDIS* DE CASOS DE MENINGITE DE SALVADOR-BA

Cordeiro, S.M.<sup>1</sup>; Ribeiro, G.S.<sup>1</sup>; Ribeiro, C.T.<sup>1</sup>; Bressy, L.<sup>1</sup>; Gouveia, E.L.<sup>1</sup>; Lobo T.S.<sup>1</sup>; Pinheiro, R.M.<sup>1</sup>; Cordeiro, S.M.<sup>1</sup>; Reis, J.N.<sup>1</sup>; Salgado, K.<sup>2</sup>; Silva, H.R.<sup>2</sup>; Reis, M.G.<sup>1</sup>; Ko, A.I.<sup>1,3</sup>

1. CPqGM/ FIOCRUZ, 2. Hospital Couto Maia/SESAB, 3. Weill Medical College of Cornell University

**Introdução:** Infecções por *Neisseria meningitidis* são associadas a altos índices de morbimortalidade pelo mundo. Em Salvador a incidência da meningite meningocócica em 2000 foi de 1,26/100000 hab. Acometendo principalmente crianças menores de 02 anos (11,32/100.000hab.) e uma taxa de letalidade de 8,7% e 3,5% dos pacientes evoluíram com sequelas neurológicas. Assim se faz necessário a disponibilidade de um método simples, eficaz na caracterização molecular deste patógeno para um melhor entendimento na distribuição da doença.

**Objetivo:** Descrever a distribuição fenotípica e genotípica da *Neisseria meningitidis* isolada de casos de meningite de Salvador- BA.

**Material e métodos:** Foram realizados testes de aglutinação na determinação dos sorogrupos, de dot-blot na determinação dos sorotipo:sorosubtipos e técnica Ng-REP- PCR na caracterização genotípica em isolados do Hospital Couto Maia, de março/96 a 99

**Resultados:** Distribuição dos sorogrupos:sorotipos:sorosubtipos (n=258): B:4,7;P1.19,15 (59,4%); B:4,7;P1.7,1 (4,3%); C:4,7:P1.19,15 (4,3%); C:2a:P1.2 (3,5%); B:4,3:P1.3 (2,0%); Outros (24,2%). NgREP-PCR: foram caracterizados 205/258 isolados, sendo identificados padrões distintos entre os isolados de acordo com a posição das bandas obtidas.

**Conclusão:** O método NgREP-PCR foi capaz de identificar padrões distintos, correlacionados com a sorosubtipagem, principalmente o clone dominante encontrado na população estudada. Assim o NgREP-PCR pode ser utilizado como ferramenta em estudos de epidemiologia molecular.