

Embargo até segunda-feira, 22 de janeiro de 2018, 16h00

Estudo descreve novas mutações na resistência a fármacos para tratamento da tuberculose multirresistente

Os novos dados vão contribuir para o diagnóstico precoce da tuberculose resistente

Lisboa, 22 de janeiro de 2018 – O maior e mais completo estudo sobre a base genética da resistência do *Mycobacterium tuberculosis*, o agente etiológico da tuberculose, foi agora publicado na conceituada revista científica *Nature Genetics* e descreve novas mutações associadas à resistência à cicloserina, etionamida e ácido para-amino salicílico, importantes fármacos de segunda-linha recorrentemente utilizados no tratamento da tuberculose multirresistente.

No artigo “*Genome-wide analysis of multi- and extensively drug-resistant Mycobacterium tuberculosis*” são identificadas novas interações entre genes associados à resistência que poderão contribuir para níveis de resistência aumentados e realçado o papel das bombas de efluxo (proteínas localizadas na membrana celular e especializadas no transporte de moléculas) no desenvolvimento da resistência nesta espécie bacteriana.

Os novos dados, além de resultarem num conhecimento mais abrangente e profundo acerca dos mecanismos de resistência por parte do *M. tuberculosis*, vão possibilitar a inclusão de marcadores específicos para a resistência em novos testes de diagnóstico molecular, com vista a um aumento da sua sensibilidade e especificidade e, sobretudo, permitir o diagnóstico precoce da tuberculose resistente, o que vai possibilitar ajustes na terapêutica de modo a ser mais eficaz contra os bacilos resistentes, aumentando a taxa de cura dos doentes com tuberculose multirresistente ou extensivamente resistente e evitando a sua transmissão e propagação como tem acontecido até à data. Os resultados assim obtidos, assumem especial relevância no contexto atual da iniciativa da OMS – *End TB Strategy*, com vista à eliminação da TB em 2035, apoiada, entre outros pilares, na intensificação da investigação e inovação.

Este estudo, que expande consideravelmente o conhecimento atual acerca dos determinantes genéticos da resistência no *M. tuberculosis*, foi liderado pela *London School of Hygiene and Tropical Medicine* e resulta da análise por sequenciação genómica completa de 6 465 isolados clínicos, provenientes de mais de 35 países, incluindo Portugal. A nível nacional, a investigação foi coordenada por Isabel Portugal e João Perdigão, professora e investigador no Instituto de Investigação do Medicamento da Faculdade de Farmácia da Universidade de Lisboa, e por Miguel Viveiros, professor no Instituto de Higiene e Medicina Tropical da Universidade Nova de Lisboa, instituições que desempenharam um papel central no diagnóstico molecular precoce da tuberculose resistente na Grande Lisboa entre 2000 e 2012, com colaboração do Instituto Nacional de Saúde Dr. Ricardo Jorge e do Instituto Gulbenkian de Ciência.

De acordo com as mais recentes estimativas da Organização Mundial de Saúde (OMS) a Tuberculose (TB) é atualmente a nona causa de morte a nível mundial. Tendo, em 2016, sido responsável por aproximadamente 1.3 milhões de mortes em indivíduos HIV-negativos e 374 000 mortes entre indivíduos co-infectados pelo HIV, os inúmeros esforços desenvolvidos com vista à diminuição da incidência e controlo permanecem ameaçados pelas formas resistentes do *M. tuberculosis*.

MAIS INFORMAÇÕES: Sílvia Diegues - Gabinete de Comunicação e Marketing do IHMT-NOVA | Tel.: 21 365 26 74 | Tlm: 963415986 | silvia.diegues@ihmt.unl.pt || Cláudia Sousa - Gabinete de Comunicação e Imagem da FFULisboa | 217 946 465 | comunicacao@ff.ulisboa.pt