

IDENTIFICAÇÃO DE MUTAÇÕES DO SISTEMA DE EFLUXO MEXAB-OPRM EM PSEUDOMONAS AERUGINOSA

Congresso Nacional de Genética, 1ª edição, de 04/10/2021 a 06/10/2021
ISBN dos Anais: 978-65-89908-95-1

SOUZA; Raimunda Sandra Pacheco de ¹, SILVA; Ricardo Mauro da ², ORLANDI; Patricia Puccineli ³, FIGUEIREDO; Daniel Jesus de ⁴

RESUMO

Pseudomonas aeruginosa é um patógeno oportunista, causando infecções principalmente em pacientes imunocomprometidos. Cerca de 5 a 10% dos pacientes internados em hospitais podem contrair infecções causadas por *P.aeruginosa*. É uma das bactérias que mais possuem capacidade de adquirir e doar resistência naturalmente, atualmente classificada pela OMS como uma das bactérias de risco crítico das bactérias mais perigosas para a saúde pública. Essa classificação dá-se principalmente por ela apresentar diversos mecanismos de resistência como íntegros, cassetes gênicos, beta-lactamases, sistemas de efluxo entre outros, dentre esses mecanismos podemos destacar os sistemas por serem capazes de expelir diversas classes de antibióticos. Já foram descritos mais 13 sistemas de efluxo em pseudomonas entre eles podemos destacar o sistema de efluxo MexAB-OprM por sua ampla capacidade de reconhecimento de antibióticos, é uma proteína transmembrana, constituída por três partes: MexA é uma proteína localizada no espaço periplasmático, constituída por 442AA, sua função é fazer a ligação entre os dois pontos de fusão, entre MexB e OprM, MexB é uma proteína de canal interna constituída por 1046AA, sua principal função é exercer o papel de bomba, OprM é uma proteína de membrana externa constituída por 455AA, são canais constituídos de água em seu interior, necessário para a difusão passiva de solutos hidrofílicos através da membrana externa, a bomba MexAB-OprM, está codificada em um *operon* de mesmo nome, é regulada por três genes o MexR, NALD e o NaIC. Na regulação por MexR, a proteína se liga a um homodímero entre a região intergênica de *mexR* e *regula negativamente a expressão do opéron MexAB-OprM*. Foram selecionados 4.743 genes do *Centro Nacional de Informação Biotecnológica (NCBI)*, sendo 684 genes de MexA, 736 MexB, 2334 OprM, e 294 MexR estes foram analisados no Clustal Omega. Foram identificados 661 mutações, sendo 136 tipos diferentes, onde 17 foram encontradas em MexA, 45 em mexB, 35 em OprM e 39 de MexR. A taxa mutação para o sistema de efluxo MexAB-OprM é <0,1%, os genes MexA tiveram 12% (59/684), MexB 33% (115/551), MexR 26% (286/287), OprM 29% (120/544) de mutações, a investigação de mutações em sistema de efluxo é de suma importância para a sua melhor compreensão e contribuem significativamente para estudos clínicos de resistência à antibiótico.

PALAVRAS-CHAVE: Pseudomonas aeruginosa, Efluxo, mutação

¹ Biomédica pela Unip- Pós-graduanda pelo Instituto Leônidas e Maria Deane-Fiocruz Amazônia, r.sandrapacheco03@gmail.com

² Agente de Endemias Pelo Laboratório Central de Saúde Pública do Amazonas-FVS, rmsricardinho6@gmail.com

³ PHD pela USP- Pesquisadora pelo Instituto Leônidas e Maria Deane-Fiocruz Amazônia/ Laboratório de Diagnóstico e Controle de Doenças Infecciosas na Amazônia-DCDIA, patricia.orlandi@fiocruz.br

⁴ Biomédico pela Unip-Mestre em Ciências pelo Instituto Leônidas e Maria Deane-Fiocruz Amazônia/ Laboratório de Diagnóstico e Controle de Doenças Infecciosas na Amazônia-DCDIA, djf204@gmail.com