

TITLE: GENES E PROTEINAS RELACIONADAS À RESISTÊNCIA FRENTE A ANTIMICROBIANOS DE *Staphylococcus aureus* em Sergipe

AUTHORS: CAVALCANTE, R. G. ^{1, 2}; SOARES, J. da S. ^{1 2}; NASCIMENTO, N.S.^{1 2}; LANA, M.J.M. de P. ^{1, 2}; BARBOSA JUNIOR, A.M.^{1, 2*}

INSTITUTIONS:

1 LABORATÓRIO DE MICROBIOLOGIA APLICADA DA UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE (LMA/UFS). São Cristóvão/SE.

2 COLEÇÃO DE CULTURA DE MICRO-ORGANISMOS DE SERGIPE, UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE (CCMO/SE/UFS). São Cristóvão/SE.

*E-mail do autor para correspondência: amjunior@academico.ufs

ABSTRACT:

Tendo em vista que o *S. aureus* apresenta resistência a antibióticos e fácil disseminação, torna-se difícil encontrar alternativas para o tratamento de infecções, evidenciando um problema de saúde pública. Objetivo foi traçar o perfil de resistência de *S. aureus*, isolados de manipuladores de alimentos da UFS. Os swab foram transportados para o laboratório, onde foram inoculados em Agar Chapman e incubados a 35°C, 48 horas. Foi realizada identificação e preservadas na CCMO/SE. 16 cepas, provenientes das mãos, boca e nasal foram testadas para o perfil de sensibilidade disco-difusão, seguindo o BrCast, os antimicrobianos testados foram: Oxacilina, Eritromicina, Imipenem, Tetraciclina e Cefalexina. Para análise do dados foi realizada ANOVA teste de Turkey e $p < 0,01$. As cepas resistentes foram sequenciadas genoma total e análise *in silico* via Blasts, clusterizadas com *Phylipp* e modelagem proteica com *Uniprot*. 100% das linhagens oriundas dos três sítios de coleta apresentaram resistência frente a Oxacilina, em relação à Tetraciclina, as linhagens coletados das mãos atingiram 25% de resistência e da região nasal 80% delas resistência aos 5 antibióticos testados. Foram detectados dois perfis gênicos: *LGA251 mecI gene for mecC-type methicillin resistance e methicillin resistance repressor MecI gene Family*. Ambos são caracterizados com genes envolvidos em sistemas *operon* com atuação repressora. Para a primeira caracterização gênica apresenta três genes (CDs) caracterizados e sequenciados: *mecC-type methicillin resistance, mecA-type methicillin resistance e mecA-type methicillin resistance*. Já para *methicillin resistance gene Family* apresenta única região *orf*. Na análise via *Uniprot*, são apresentadas 3 proteínas associadas a esses genes da *superfamily mecI*: COG 68263, COG 68262 e COG 68261, A COG 68263 proteína com sítio específico de ligação a reguladores de transcrição, porém as outras não apresentam modelagem. E por fim, para o gene *LGA251*, após análise *in silico* há 3 proteínas relatadas para superfamília, compreendendo *transcriptional repressor gene* sem modelagem. Essa situação torna-se agravante devido ao aumento de potencialidade de infecção e resistente ao tratamento utilizado na rotina clínica. Novos parâmetros serão estudados como filogenia de genes *orfs*, modelagem de proteínas e a busca do compartilhamento desses genes resistente para metilina com linhagens infectantes circulantes em Sergipe.

Keywords: genes resistência microbiana, proteínas, Orfs, multirresistente, Microbiota.

Development Agency: CNPq, FAPITE/SE, Grupo de Pesquisa CNPq UFS Microbiologia Aplicada e UFS