

CARACTERIZAÇÃO IN SILICO DE PROTEÍNAS DE RESISTÊNCIA EM KLEBSIELLA PNEUMONIAE

Tarcio Tomé da Silva

Docente na Escola de Referência em Ensino Médio Brasilino José de Carvalho - EREMBJC, Igarassu, Pernambuco, Brasil.
E-mail: tarcio.tsilva@professor.educacao.pe.gov.br

Introdução: A resistência antimicrobiana (RAM) é uma crise de saúde pública global, sendo a emergência de *Klebsiella pneumoniae* multidroga resistente (MDR) um problema clínico de extrema gravidade, pois este patógeno oportunista causa infecções hospitalares severas e frequentemente é resistente a antibióticos de última linha. O problema central reside na rápida disseminação de linhagens MDR, impulsionada pela aquisição e expressão de PRAs, representando uma ameaça aos serviços e sistemas de saúde, bem como à população. **Objetivo:** Identificar e caracterizar in silico as PRAs presentes em *K. pneumoniae* MDR para compreender sua RAM e subsidiar o design de novos fármacos. **Material e Método:** O proteoma de *K. pneumoniae* (ASM340299v1) foi obtido no NCBI (National Center for Biotechnology Information) e submetido à ferramenta RGI (Resistance Gene Identifier) do repositório CARD (Comprehensive Antibiotic Resistance Database). Alinhamentos redundantes ou com identidade inferior a 90% foram eliminados via Excel. A confirmação de domínios conservados ocorreu no CDsearch. Predições de peptídeo sinal (PS), localização subcelular (LS) e aspectos físico-químicos foram realizadas nos softwares SIGNALP6, BUSCA e ProtParam, respectivamente. **Resultados:** Um total de 31 PRAs foram identificadas, onde os mecanismos de resistência preditos foram: efluxo, inativação e redução da permeabilidade do/ao antibiótico, bem como alteração, proteção e substituição do alvo do fármaco. Os principais antibióticos para os quais essas PRAs fornecem resistência são: cefalosporinas e penicilinas, ambos beta-lactâmicos. Quanto às características: em 10 delas o PS foi detectado, quatro endereçamentos foram preditos: citoplasma (13), membrana externa (2), espaço extracelular (8) e membrana plasmática (8). Sobre os aspectos físico-químicos, o número de aminoácidos (NA) oscilou entre 111 e 879, o ponto isoelétrico (pI) entre 4,51 e 10,89, a hidropaticidade (HP) entre -0,893 e 1,197, e o peso molecular (PM) entre 11,96 e 97,2 kDa. As médias para esses aspectos, na mesma ordem, foram: 336 ± 203 , $7 \pm 1,81$, $-0,11 \pm 0,5$ e $37 \pm 22,8$ kDa. A diversidade de mecanismos e localizações confirma a sofisticação da RAM neste patógeno. **Considerações Finais:** A caracterização detalhada das 31 PRAs mapeia a base molecular da multirresistência em *K. pneumoniae*, evidenciando a urgência de novas abordagens terapêuticas diante da resistência primária aos beta-lactâmicos. **Contribuições para a Saúde:** Os resultados fornecem um mapa molecular indispensável para a vigilância epidemiológica e para o design racional de inibidores específicos, representando um passo fundamental no combate à crise de multirresistência bacteriana em ambiente clínico.

Descritores: Bactéria, Bioinformática, Resistência a Antibióticos.