

Título do Trabalho: "Análise das variantes da enzima *Klebsiella pneumoniae carbapenemase* (KPC) utilizando ferramentas de bioinformática"

Mariah Guilardi Schelske, Igor Alfredo Bitencout, Camila Mörschbächer Wilhelm.

UNISUL - Universidade do Sul de Santa Catarina

Biomedicina, Tubarão, camila.wilhelm@ulife.com.br

Introdução

A resistência bacteriana aos antibióticos representa um dos principais problemas de saúde pública mundial. Entre os mecanismos envolvidos, destaca-se a produção de enzimas β -lactamases, capazes de inativar antibióticos β -lactâmicos. Dentre elas, a *Klebsiella pneumoniae carbapenemase* (KPC) é especialmente preocupante por conferir resistência a carbapenêmicos, antibióticos de última geração usados em infecções graves.

Atualmente, diversas variantes da KPC foram identificadas e disponibilizadas em bancos de dados públicos, como o NCBI Protein. Pequenas mutações nessas proteínas podem alterar sua estrutura e, consequentemente, o nível de resistência a determinados antibióticos.

O presente trabalho teve como foco a análise comparativa das variantes da enzima KPC, com o objetivo de compreender sua relação evolutiva e identificar possíveis regiões da proteína associadas à resistência antimicrobiana.

Objetivos

Analizar as variantes da proteína KPC disponíveis no banco de dados NCBI, construindo uma árvore filogenética para observar suas relações evolutivas e discutir possíveis regiões associadas à resistência a antibióticos.

Metodologia

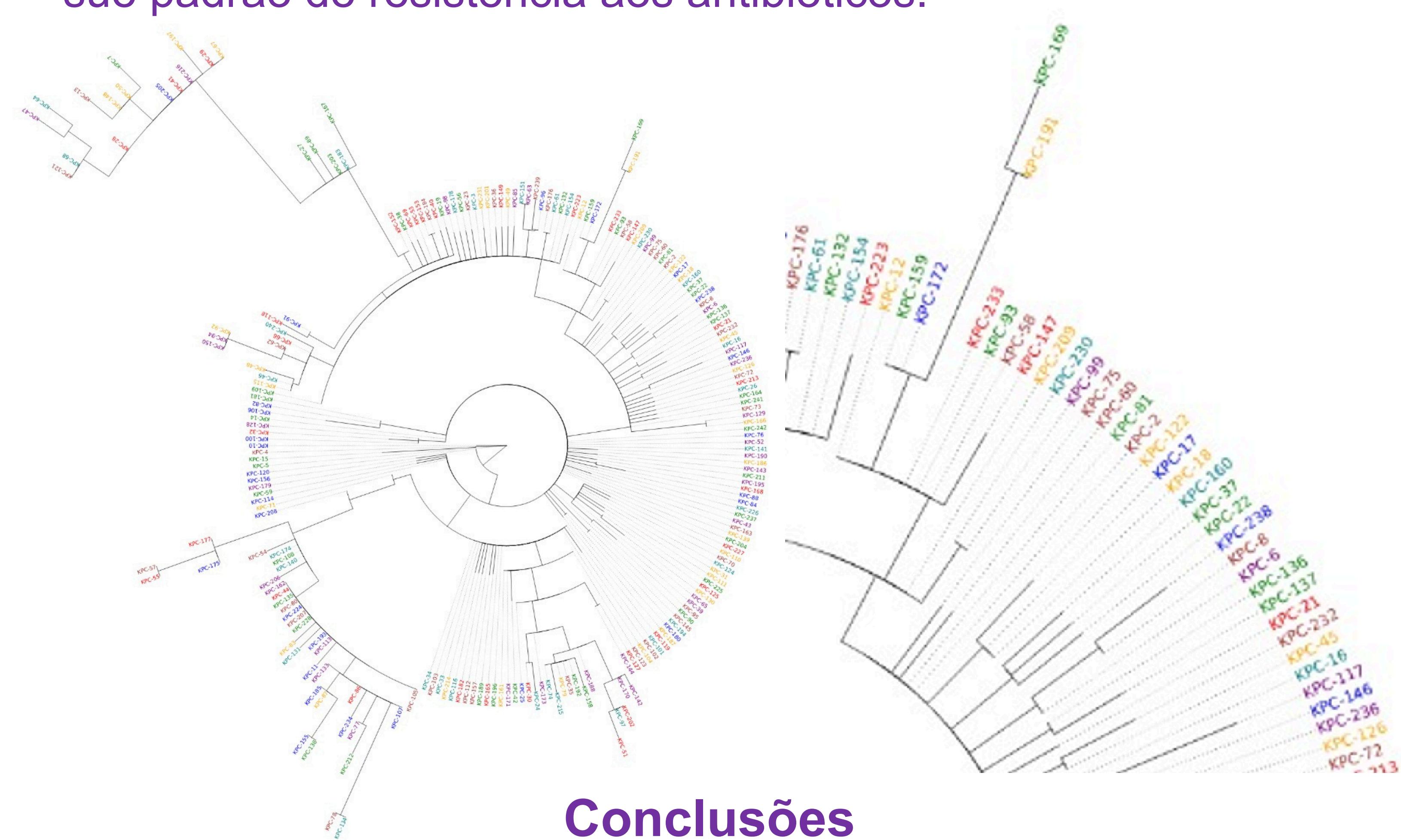
As sequências das variantes da enzima KPC foram obtidas no banco de dados NCBI Protein. Cada variante foi identificada e registrada em uma tabela contendo seu nome, número de acesso e sequência proteica.

Todas as sequências foram reunidas em um único arquivo FASTA, e posteriormente alinhadas utilizando ferramentas de Biopython e softwares de alinhamento múltiplo.

Com base nesse alinhamento, foi construída uma árvore filogenética, representando o grau de similaridade e divergência entre as variantes. Por fim, foram consultadas publicações científicas para tentar relacionar as diferenças observadas nas sequências com a resistência a diferentes antibióticos, embora os dados disponíveis ainda sejam limitados.

Resultados

O alinhamento revelou alta similaridade entre as variantes, com alterações pontuais em regiões específicas. A árvore filogenética mostrou um padrão evolutivo coerente. Entretanto, devido à falta de dados experimentais, não foi possível correlacionar as mutações com a resistência a antibióticos. Entretanto ainda espera-se que seja possível correlacionar as alterações pontuais de cada proteína com o seu padrão de resistência aos antibióticos.



Conclusões

A análise filogenética mostrou a proximidade entre as variantes da KPC e destacou a importância de estudos adicionais que relacionem diferenças estruturais com perfis de resistência. O uso de ferramentas de bioinformática se mostrou essencial para a visualização e comparação dessas variantes.

Bibliografia

- NCBIProtein. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/protein/>
- Mariano, D. Biopython em Bioinformática. Disponível em: <https://diegomariano.com/>
- Campogiani, L. et al. *Antibiotics*, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/antibiotics12050820>

Agradecimentos

Agradeço à Professora Camila Mörschbächer Wilhelm pela orientação e apoio durante todas as etapas do projeto, e aos colegas do curso de Biomedicina pela colaboração nas etapas de coleta, análise e discussão dos dados.