



REDE DE REGULAÇÃO DA TRANSCRIÇÃO GENÉTICA DO MECANISMO DE RESISTÊNCIA DA PSEUDOMONAS AERUGINOSA AOS ANTIBIÓTICOS BETA LACTÂMICOS

Autor(es): LOUREIRO, K.F; WEBER, G.E.B
Apresentador: KAMILA FERREIRA LOUREIRO
Orientador: ANTÔNIO CARLOS DA ROCHA COSTA
Revisor 1: Andréa da Silva Ramos Rocha
Revisor 2: William Peres
Instituição: UNIVERSIDADE CATÓLICA DE PELOTAS

Resumo:

Pseudomonas aeruginosa é um bacilo gram-negativo não-fermentador, muito prevalente em infecções hospitalares. É considerada uma bactéria oportunista, sendo de alto risco para pacientes debilitados, imunodeprimidos ou internados em unidades de terapia intensiva. O grande problema dessas infecções tem sido a efetividade da terapia visto que a *P. aeruginosa* pode expressar diversos mecanismos de resistência. As redes de transcrição são sistemas que descrevem a interação entre genes, proteínas e fatores de transcrição e processam informação no interior da célula. Para se adaptar ao meio ambiente a célula recebe um sinal dessas proteínas chamadas fatores de transcrição. A entrada de um sinal na rede, carrega informação do ambiente interno ou externo, esse sinal causa mudanças na forma da proteína, fazendo com que essa molécula passe do estado inativo para o ativo. Os fatores de transcrição ativos se ligam a uma região do DNA denominada promotor de um gene X e alteram a taxa de transcrição, induzindo um aumento ou diminuição da produção de uma proteína X. Para o entendimento do processo de resistência aos antimicrobianos que ocorrem em infecções causadas por *P. aeruginosa* é necessário um estudo detalhado das alterações que ocorrem a nível celular. Alguns fatores descritos responsáveis pela alta taxa de resistência são a reduzida permeabilidade da parede celular devido ao peptidoglicano ser recoberto por uma membrana externa lipopolissacarídea que dificulta a penetração de alguns antibióticos, sistemas de efluxo que expulsam o antimicrobiano de dentro da célula e portanto aumentam a concentração inibitória mínima do antimicrobiano. Outro mecanismo de resistência está relacionado à produção de β -lactamases, enzimas que clivam o anel beta-lactâmico do antibiótico. A *P. aeruginosa* pode produzir diferentes tipos de β -lactamases, entre as quais se destacam as metalo- β -lactamases (M β la). As M β la são consideradas Zinco-dependentes, pois necessitam desse metal para a sua atividade. Assim, as M β la podem ser inibidas por quelantes como o ácido etilenodiaminotetracético (EDTA), que capturam o zinco do meio impedindo sua ação e, portanto, favorecendo a ação antimicrobiana. O objetivo desse trabalho é apresentar a rede de regulação da transcrição genética que determina o mecanismo de resistência da *P. aeruginosa* aos antibióticos Beta-lactâmicos.