

DETECÇÃO GENÔMICA DE SISTEMAS DE EFLUXO MULTIDROGAS E SISTEMAS DE SECREÇÃO EM ISOLADOS DE ENTEROBACTER AEROGENES PROVENIENTES DE COLONIZAÇÃO E INFECÇÃO.

Rayane da Silva Arruda¹, Larissa Caina Barbosa de Azarias¹, Antônio M. Rezende², Rodrigo S. Galhardo³, Ingrid R. Alves³, Ana C. S. Lopes⁴, Adriane Borges Cabral^{1, 4}.

¹UNCISAL, Universidade Estadual de Ciências da Saúde de Alagoas. Rua Doutor Jorge de Lima, 113 Trapiche da Barra - 57010-300, Maceió-AL. ²UFPE e Fiocruz, Av. Prof. Moraes Rego, 50670-901, Cidade Universitária, Recife-PE. ³USP, Av. Prof. Lineu Prestes, 05508-000, Butantã, São Paulo-SP.

Ao longo da última década, *Enterobacter aerogenes* tornou-se um importante patógeno multidroga resistente (MDR) e responsável por infecções relacionadas à assistência à saúde (IRAS). A membrana externa da bactéria é provida com diferentes vias para o transporte seletivo de moléculas para dentro e para fora da célula: sistemas de efluxo e sistemas de secreção (SANDKVIST, 2001). O objetivo deste trabalho é de identificar genes relacionados a sistemas de efluxo a multidrogas e sistemas de secreção em isolados de *E. aerogenes* através de sequenciamento genômico e comparar os isolados de *E. aerogenes* quanto a estes sistemas. Foram utilizados dois isolados de *E. aerogenes* provenientes de infecção e colonização de pacientes internados em UTI. Após extração de DNA dos isolados foi realizado o sequenciamento genômico e utilizadas ferramentas de análise “in silico” para identificar os genes alvos. Os sistemas de efluxo a multidrogas, nos isolados analisados nesse estudo, diferenças sutis foram detectadas no sistema de transporte ABC(186 versus 185, em Ea5A e Ea7A, respectivamente) e na superfamília MFS(29 versus 31, em Ea5A e Ea7A, respectivamente). Sistemas do tipo RND, ABC, MFS e DMT também foram detectados. Em relação aos sistemas de secreção detectados SST1, SST4 e SST6, observou-se que o isolado de colonização (Ea5A) apresentou cinco genes de SST4 a mais que Ea7A. Devido aos escassos estudos que focam *E. aerogenes*, estes resultados permitirão um melhor conhecimento sobre esse patógeno.

Palavras-chave: *Enterobacter aerogenes*, Sistemas de efluxo multidrogas e Sistemas de secreção.