



Análise *in silico* dos sistemas envolvidos na aquisição de ferro em *Staphylococcus aureus* de origem bovina

Sérgio Barreto Queiroz Junior; Andrea de Oliveira Barros Ribon; Lis Souza Rocha; Miquéias Fernandes; Tiago Antônio de Oliveira Mendes

Palavras-chave: *Staphylococcus aureus*, sistemas de aquisição de ferro, análises filogenéticas

Ciências Biológicas e da Saúde - Biologia geral - Modalidade: Pesquisa

Introdução

Staphylococcus aureus é um importante patógeno humano e animal que possui diferentes sistemas para aquisição de ferro. Os sistemas envolvem produção de sideróforos e a obtenção de ferro a partir de catecol e catecolaminas, de heme e outras proteínas ligadas ao ferro e de íons livres. Tendo em vista a sua importância para o estabelecimento da infecção, neste trabalho foram investigados os sistemas de captação de ferro de isolados bovinos de *S. aureus*. Hipotetizou-se que existem diferenças entre os complexos clonais (CCs) que impactam na obtenção de ferro e, conseqüentemente, na virulência bacteriana.

Objetivos

Contrastar os genes que fazem parte dos sistemas de aquisição de ferro de isolados bovinos de *S. aureus*, analisando a prevalência e identificando diferenças nas sequências de nucleotídeos de isolados pertencentes a oito CCs.

Material e Métodos

Foram recuperadas as sequências de nucleotídeos de 41 genes, de nove sistemas de captação de ferro (*sirABC*, *sbnA-I*, *fluBCG*, *fluD*, *htsABC*, *sfaA-D*, *sstA-D*, *isdA-I*, *fepABC* e *tatAC*), além do gene regulador *fur*, de todos os genomas bovinos de *S. aureus* depositados no banco de dados NCBI. As sequências foram filtradas e aquelas com menos de 98% de completude do genoma foram eliminadas. A prevalência dos genes entre os isolados de cada CC foi analisada. Árvores filogenéticas foram construídas pelo método *Maximum Likelihood* no software *MegaX*, para os nove sistemas citados anteriormente, a fim de determinar alterações nas sequências e nos padrões evolutivos, em comparação à árvore gerada a partir dos sete *housekeeping* genes, usados para agrupar os isolados em complexos clonais (CCs). Ao todo, foram analisados 254 isolados, pertencentes a oito CCs diferentes, distribuídos em 19 países.

Resultados e Discussão

Foi observada uma alta prevalência de todos os genes analisados nos CCs, não sendo possível estabelecer uma relação entre ausência de um gene/sistema e um determinado complexo. A comparação das sequências de nucleotídeos revelou uma baixa diversidade genética, o que sugere que os sistemas são muito conservados em *S. aureus*.

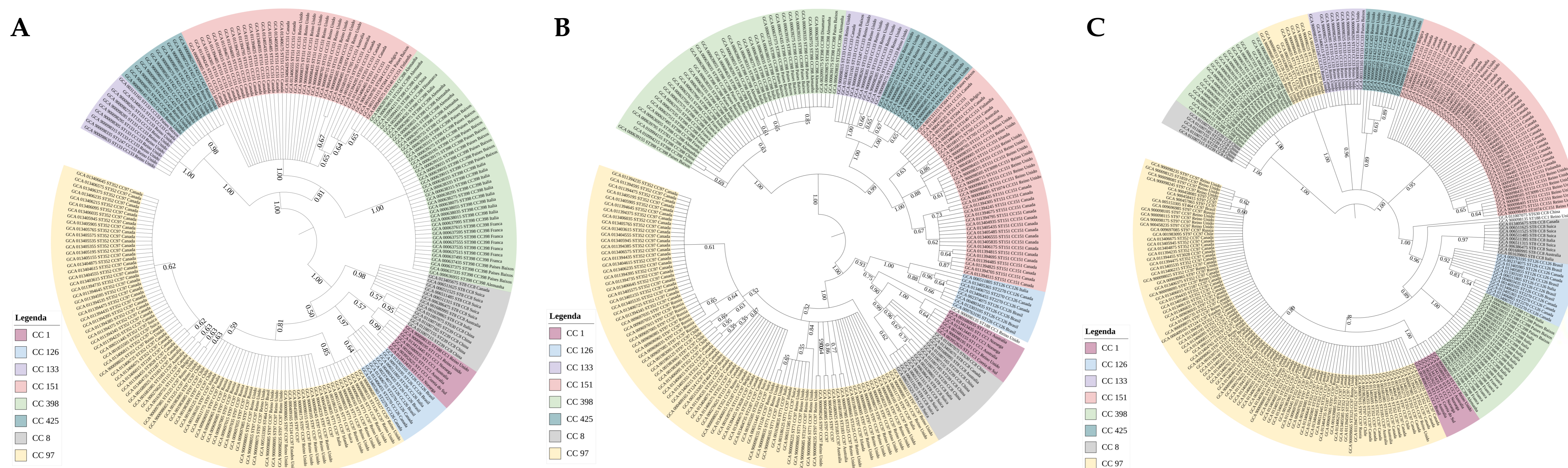


Figura 1 – A) Diversidade clonal e relações entre os 254 isolados de *S. aureus* estudados (árvore obtida com base na sequência dos genes *housekeeping*). B) Árvore filogenética dos genes pertencentes ao operon *isdA-I*, demonstrando alta similaridade à árvore demonstrada em A; C) *sirABC*, o qual apresentou separação dos isolados dos CC8, CC97 e CC398 em diferentes clados, indicando uma história evolutiva diferente para esses genes. Situação similar também foi observada para o operon *sbnA-I*.

Conclusões

Os resultados sugerem a importância dos sistemas de aquisição de ferro para *S. aureus* e histórias evolutivas mais complexas para os genes dos sistemas *sirABC* e *sbnA-I*.