

ANÁLISE DO RESISTOMA DE PISCINIBACTER SAKAIENSIS ASSOCIADO A MICROPLÁSTICOS MARINHOS

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 poluição por microplásticos no ambiente marinho pode favorecer o surgimento e a disseminação de superbactérias, representando um risco importante à saúde pública por potencial transmissão de genes de resistência entre espécies e ambientes. *Piscinibacter sakaiensis*, capaz de colonizar e degradar plásticos, é um modelo relevante para investigar essa associação. O uso da bioinformática, integrando bancos especializados e ferramentas, é fundamental para identificar de forma rápida e precisa proteínas de resistência a antibióticos (PRAs), apoiar a caracterização molecular e ampliar o entendimento sobre os impactos ambientais na emergência da resistência bacteriana.

Objetivo: Identificar e caracterizar PRAs em *P. sakaiensis*, visando compreender como fatores ambientais e propriedades moleculares se relacionam no contexto da resistência bacteriana emergente associada à poluição plástica marinha. **Material e Método:** O proteoma de *P. sakaiensis* (BioProject PRJNA1225902) 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 e com Bitscore não significativos foram eliminados. A confirmação de domínios conservados ocorreu no CD-Search. Predições de peptídeo sinal (PS), localização subcelular (LS) e aspectos físico-químicos foram realizadas no SIGNALP6, BUSCA e ProtParam, respectivamente. **Resultados:** Duas PRAs foram identificadas, em que o mecanismo de resistência predito para ambas foi o de efluxo de antibióticos por meio do bombeamento via proteínas integrais de membrana. Os principais antibióticos para os quais essas PRAs fornecem resistência são fluoroquinolonas e tetraciclina. Nenhuma exibiu PS e ambas são endereçadas à membrana plasmática. A sequência proteica WP_054018212.1 possui 1082 aminoácidos (aa); ponto isoelétrico (pI) de 8,62; 115,3 kDa e hidropaticidade (HP) de 0,423. Por sua vez, WP_393937955.1 apresenta, na mesma ordem: 1067 aa; pI de 9,08; 113,5 kDa e HP de 0,364. **Considerações Finais:** A identificação de homólogos funcionais com alto Bitscore e domínios conservados íntegros certifica a presença de mecanismos de efluxo ativos em *P. sakaiensis*. O caráter hidrofóbico positivo ($HP > 0,3$) valida a natureza transmembranar dessas proteínas, essenciais para o efluxo de múltiplas drogas. Tais achados sugerem que a colonização de microplásticos pode selecionar variantes de resistência ambiental com potencial de disseminação em ecossistemas marinhos. **Contribuições para a Saúde:** O estudo reforça a importância da vigilância genômica sob a perspectiva de Saúde Única (One Health). A caracterização dessas bombas de efluxo evidencia como resíduos antropogênicos podem atuar na emergência de superbactérias, representando uma ameaça à eficácia terapêutica futura e à biossegurança ambiental.

Descritores: Bioinformática, Microplásticos, Superbactéria.