

# **A IMPORTÂNCIA CIENTÍFICA DAS INFECÇÕES NEGLIGENCIADAS**

## **RESUMO**

Devido a sua importância o sequenciamento do genoma da bactéria *Chromobacterium violaceum*, foi realizado pela Rede Nacional de Sequenciamento - Projeto Genoma Brasileiro.

A bactéria *Chromobacterium violaceum* é classificada como uma Beta-proteobactéria, gram-negativa, anaeróbica facultativa, com formato de bastonete, cujo habitat é o solo e as águas ao redor do mundo em extensas áreas tropicais e subtropicais e possui vários possíveis fatores de virulência.

A infecção caracteriza-se pela formação de abscessos, os pulmões, o fígado e o baço, bem como posterior desenvolvimento de abscessos em vários órgãos durante a sepse.

Assim, o estudo destas vias tem grande impacto na compreensão de como as bactérias controlam variadas funções celulares tais como produção de biofilme, virulência, resistência aos antibióticos e reconhecimento do hospedeiro.

## **1. INTRODUÇÃO**

A bactéria *Chromobacterium violaceum* é classificada como uma Beta-proteobactéria, Gram-negativa, anaeróbica facultativa, com formato de bastonete (Holt et al., 1994), cujo habitat é o solo e as águas ao redor do mundo em extensas áreas tropicais e subtropicais. Considerada uma infecção negligenciada, devido ao baixo número de caso que ocorrem durante o ano, ocasionalmente pode atuar como patógeno oportunista de animais e homens, causando septicemia fatal, com lesões na pele e/ou abscesso no fígado e no pulmão.

Esta bactéria tem sido objeto de estudo para diversos pesquisadores devido a sua característica fenotípica marcante: a produção de pigmento violeta chamado violaceína, o qual confere coloração característica de suas colônias (DeMoss, 1967).

*Chromobacterium violaceum* é responsável pela produção de uma diversidade de metabólitos secundários com potencial biotecnológico.

## 2. OBJETIVO GERAL

Identificar, por meio de uma amostra de conveniência de artigos sobre o tema, a relação entre a bactéria *Chromobacterium violaceum* e as infecções negligenciadas.

## 3. DISCUSSAO

A violaceína, pigmento principal produzido por *C. violaceum* tem despertado interesse devido às atividades biológicas: como antibacteriano, antitumoral, e antiparasitário (Caldas et al., 1978; Durán et al., 1989; Melo et al., 2000).

A bactéria é abundante no Brasil, sendo uma das responsáveis, pela coloração escura do Rio Negro, na Amazônia. Tem a capacidade de retirar metais pesados de solos contaminados, reduzindo impactos ambientais em áreas de garimpo. E pode, também, levar ao desenvolvimento de biopolímeros, por ser a um dos raros microrganismos que sintetizam polihidroxialcanoatos (PHAs), polímeros orgânicos com características muito semelhantes às do polipropileno e polietileno, que são usados na produção de plástico.

Devido a sua importância o sequenciamento do genoma da bactéria *Chromobacterium violaceum*, foi realizado pela Rede Nacional de Sequenciamento - Projeto Genoma Brasileiro, foram publicados no Relatório da Academia Nacional de Ciências dos Estados Unidos (*Proceedings of the National Academy of Sciences*), uma das mais importantes publicações científicas do mundo. O artigo *The complete genome sequence of Chromobacterium violaceum reveals remarkable and exploitable bacterial adaptability* tem 109 autores.

Dois anos após o início dos trabalhos, o Brasil já é reconhecido como uma das principais forças na área, e terceiro país no mundo em número de genomas em sequenciamento. Com 4,2 milhões de pares de bases, a anotação (identificação) dos genes da *C. violaceum* está completa.

Alguns estudos procuram se os fatores de transcrição ocupam papel central na hierarquia de regulação da expressão gênica ao ligarem em sequências específicas de DNA, modulando a iniciação da transcrição. A integração destas proteínas regulatórias em sistemas de transdução de sinal permite as bactérias monitorar vários parâmetros físico-químicos e elaborar respostas adaptativas adequadas. Assim, o estudo destas vias tem grande impacto na compreensão de como as bactérias controlam variadas funções celulares tais como produção de biofilme, virulência, resistência aos antibióticos e reconhecimento do hospedeiro.

O sistema secretório tipo III (T3SS) codificadas pela ilha de patogenicidade 1 e 1a (Cpi-1/-1a) é crítico para patogênese do *Chromobacterium violaceum*. A virulência T3SS-dependente é comumente caracteriza-se pelo tipo III, mas todo o repertório das proteínas efetoras do Cpi-1/-1a T3SS é desconhecida.

O sistema secretório tipo III (T3SS) é um sistema de transporte proteínas especializadas que desempenha um papel crítico na virulência de muitos patógenos bacterianos. T3SS transloca proteínas efetoras diretamente no citosol da célula do hospedeiro por meio de suas próprias máquinas, e uma vez dentro da célula hospedeira, estes translocadores tiram vantagem da célula do hospedeiro, sinalização uma cascata para benefício dos agentes patogênicos bacterianos.

*Chromobacterium violaceum* é um bacilo Gram-negativo encontrado em áreas tropicais e subtropicais (Koburger e May 1982). *C. violaceum* é um oportunista que infecta os seres humanos e os animais. Uma vez que o anfitrião está infectado, *C. violaceum* provoca doença grave com alta taxa de mortalidade (Sneath et al., 1953; Chattopadhyay et al., 2002). A infecção por *C. violaceum* caracteriza-se pela formação de abscessos, os pulmões, o fígado e o baço, bem como posterior desenvolvimento de abscessos em vários órgãos durante a sepse (Duran e Menck, 2001). *C. violaceum* possui vários possíveis fatores de virulência, tais como tipo IV fimbrias, lipopolissacarídeos, hemolisina e T3SS (Consortium, 2003). A ilha de patogenicidade-1 (Cpi-1) /-1a codificado T3SS é um importante fator de virulência do modelo murino de *C. violaceum* infecção (Miki et al., 2010).

No entanto, os efetores secretada pela Cpi-1/-1a codificado T3SS e suas funções nas células do hospedeiro necessita de ser determinado.

A caracterização dos fenótipos de virulência da *C. violaceum* em modelo de camundongo de infecção apesar de a *C. violaceum*, quando introduzida por injeção intraperitoneal, tem sido relatada a ser virulento em alguns estudos experimentais em animais, incluindo ratos e cobaias (Sneath e Buckland, 1959; Segal et al., 2003), a virulência dos fenótipos da *C. violaceum* nestes animais não foram plenamente caracterizada.

#### **4. CONSIDERACOES FINAIS**

Conclui-se que apesar de estarem amplamente difundidos no meio ambiente e causarem infecções que muitas vezes são fatais estas bactérias são pouco conhecidas na área da saúde. Mesmo assim tem um grande interesse científico/comercial.

Como é o caso da *C. violaceum*, que teve seu genoma decodificado e hoje é alvo de várias pesquisas sobre seu pigmento violeta de interesse médico, sobre seus metabólicos secundários de interesse biotecnológico e mesmo sobre virulência usando fatores de transcrição que poderão ser usados em estudos futuros em outras bactérias patológicas.

#### **REFERENCIAS**

MIKI, T.; IGUCHI, M.; AKIBA, K. et al. Hirofumi Danbara and Nobuhiko Okada Chromobacterium pathogenicity island 1 type III secretion system is a major virulence determinant for Chromobacterium violaceum-induced cell death in hepatocytes. *Molecular Microbiology*, v. 77, n. 4, p. 855-872, 2010.

PITLOVANCIV, A.K.; CARIS, M.E.; PORTO, L.M. et al. Condições de cultivo e produção de pigmentos por Chromobacterium violaceum. *Biotemas*, v. 19, n. 1, p. 13-18, 2006.

SILVA NETO, J.F. Fatores de transcrição de Chromobacterium violaceum: integrando vias de sinalização, regulons e patogenicidade. Disponível em: <http://www.bv.fapesp.br/pt/auxilios/57756/fatores-de-transcricao-de-chromobacterium-violaceum-integrando-vias-de-sinalizacao-regulons-e-pato/>. Acesso em: 30 de Ago. 2015.