Identificação de bactérias do gênero Staphylococcus e avaliação do potencial antimicrobiano frente a Staphylococcus aureus

GABRIELLE MESSIAS DE SOUZA[1], NATHÁLIA ABICHABKI[2], EDWIN TAMASHIRO[1], LÍVIA SOARES ZARAMELA[1]

[1.] UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO, FACULDADE DE MEDICINA DE RIBEIRÃO PRETO - USP, RIBEIRÃO PRETO - SÃO PAULO, BRASIL.
[2.] HOSPITAL DAS CLÍNICAS DA FACULDADE DE MEDICINA DE RIBEIRÃO PRETO - USP, RIBEIRÃO PRETO - SÃO PAULO, BRASIL

A rinossinusite crônica (RSC) configura-se como uma das doenças mais prevalentes na otorrinolaringologia, constituindo relevante problema de saúde pública, com impacto direto na morbidade, na qualidade de vida dos pacientes e com significativo ônus econômico ao sistema de saúde. No contexto microbiológico, o gênero bacteriano *Staphylococcus* destaca-se por sua capacidade de modular a inflamação crônica associada à doença. *Staphylococcus aureus* (*S. aureus*), embora não seja considerado agente etiológico primário, é frequentemente detectado nos seios paranasais de indivíduos com RSC, cuja elevada capacidade de formação de biofilme e colonização intramucosa potencialmente favorece a persistência do processo inflamatório. Em contrapartida, *Staphyloccocus* coagulase-negativos (CoNS), podem exercer papel protetor na mucosa nasal, especialmente por meio de mecanismos competitivos e antagonistas. Nesse contexto, o presente estudo teve por objetivo investigar a presença, a diversidade e as interações de espécies do gênero *Staphylococcus* em pacientes com RSC. O estudo visa aprofundar a compreensão da dinâmica microbiana entre espécies do gênero, com ênfase no potencial antagonista de CoNS comensais, bem como nos mecanismos microbianos associados à patogênese e à manutenção da doença. Foram incluídos 62 pacientes diagnosticados com RSC conforme critérios EPOS 2020. Amostras do meato médio foram coletadas sob videoendoscopia, com swabs em meio Amies, semeadas em ágar sangue e submetidas à seleção fenotípica e coloração de Gram. Isolados compatíveis com cocos Gram-positivos foram cultivados em meios seletivos e diferenciais, seguidos de teste de coagulase. Subsequentemente, 308 isolados obtidos foram submetidos à identificação por MALDI-TOF. Após confirmação de isolados de *Staphylococcus*, o ensaio spot-on-lawn foi conduzido utilizando cepas padrão de *S. aureus* ATCC 29213 e ATCC 43300 (*Staphylococcus* resistente à meticilina MRSA), com o objetivo de avaliar potencial atividade antimicrobiana dos CoNS comensais. Durante a identificação, observou-se positividade para *Staphylococcus* em 88,7% das amostras, com detecção de *S. aureus* em 74,5%, CoNS em 40% e coocorrência em 20% dos casos. A análise por MALDI-TOF confirmou identificação de 186 isolados de *S. aureus* e, entre os 72 CoNS, as espécies em predominância foram *Staphylococcus epidermidis*, além de *Staphylococcus warneri*, *Staphylococcus haemolyticus*, *Staphylococcus lugdunensis* e *Staphylococcus sciuri,* atualmente reclassificado como *Mammaliicoccus sciuri*. Nos ensaios de antagonismo bacteriano, evidenciou-se atividade antimicrobiana relevante de isolados comensais *S. warneri*, *S. lugdunensis*, *S. epidermidis* e *S. haemolyticus* frente à cepa sensível *S. aureus* 29213, perante formação de halos de inibição ao redor dos spots. Em relação à cepa MRSA ATCC 43300, o efeito inibitório

mais consistente foi observado para *S. warneri*. Os achados corroboram a elevada prevalência de *S. aureus* na RSC e sua possível associação à perpetuação da inflamação crônica. Paralelamente, a presença significativa de CoNS, aliada à evidência experimental de atividade antagonista, reforça sua participação ativa na modulação do microambiente nasal. Portanto, conclui-se que *Staphylococcus* de pacientes com RSC apresentam dinâmica complexa, na qual *S. aureus* e CoNS coexistem e potencialmente interagem no microambiente, destacando os achados como base na busca de potenciais estratégias terapêuticas voltadas ao controle do *S. aureus*.

Agradecimentos: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior(#88887.987886/2024-00). Projeto JP FAPESP: 2020/08554-9..