

Infecção versus colonização: análise genômica comparativa entre isolados de *Enterobacter aerogenes*

Adriane B. Cabral^{1,2}, Klayssa M. Ramos², Antônio M. Rezende³, Rodrigo S. Galhardo⁴, Ingrid R. Alves⁴, Ana Catarina S. Lopes¹.

¹Departamento de Medicina Tropical, Universidade Federal de Pernambuco, Av. Moraes Rêgo, s/n - CEP 50670-901- Recife-PE email: adrianeborgescabral@gmail.com, ²Universidade Estadual de Ciências da Saúde de Alagoas- Maceió-AL, ³Centro de pesquisa Aggeu Magalhães-Fiocruz- Recife-PE, ⁴Universidade Estadual de São Paulo

Enterobacter aerogenes vem se destacando como patógeno Multidroga Resistente sendo cada vez mais identificado em Infecções relacionadas à Assistência em Saúde, assim como colonizando pacientes. Foram utilizados dois genomas de *E. aerogenes* com relação clonal pela ERIC-PCR: um proveniente de colonização (Ea5A) e o outro proveniente de infecção (Ea7A) ambos coletados de UTI com o objetivo de verificar semelhanças e particularidades genômicas dos isolados através do Diagrama de Venn. Nesse estudo, a análise comparativa mostrou que o DNA cromossômico do isolado de *E. aerogenes* de colonização (Ea5A) apresentou mais genes (5571) que o isolado de infecção (Ea7A) (5351), por outro lado, considerando o DNA plasmidial, o isolado de infecção apresentou mais genes (630 versus 438). Observamos que 4789 genes foram comuns a ambas as amostras, o que corresponde a 90% do genoma de Ea5A e a 92% do genoma de Ea7A, o que pode explicar as semelhanças entre esses isolados sendo 515 genes exclusivos em Ea5A e 412 em Ea7A. Considerando o DNA plasmidial, Ea5A apresentou 145 proteínas exclusivas versus 144 de Ea7A. A análise comparativa realizada entre Ea5A e Ea7A, mostrou alta similaridade cromossômica e plasmidial. Entretanto, mesmo diante das semelhanças (relação clonal pela ERIC-PCR, mesmo hospital de procedência, mesmo setor e data de coleta) não devemos esquecer as particularidades detectadas para cada isolado, especialmente em relação ao quantitativo de genes, além dos genes que são exclusivos de cada isolado, mostrando que não são idênticos geneticamente. Destaca-se também a importância de um maior número de genes plasmidiais no isolado de infecção, o que pode favorecer a disseminação horizontal desses genes.

Palavras-chave: *Enterobacter aerogenes*, sequenciamento genômico, análise comparativa