



Análise de Pan-genoma como ferramenta de determinação fisiológica em *Enterobacter aerogenes*: do modo de vida à resistência aos antimicrobianos

Hemanoel Passarelli Araujo, Kanhu Charan Moharana, Jussara Kasuko Palmeiro, Líbera Maria Dalla Costa, Thiago Motta Venancio

Enterobacter aerogenes é um patógeno nosocomial emergente que infecta principalmente pacientes imunossuprimidos hospitalizados, causando infecções diversas, como nos tratos urinário e respiratório, por exemplo. Em boa parte, a patogenicidade desta bactéria está relacionada a plasmídeos, transmitidos horizontalmente, que podem conter genes de resistência a diversos antibióticos, mesmo de última geração. Na última década, metodologias de sequenciamento de segunda geração alavancaram diversos estudos de genômica comparativa de bactérias, incluindo análises de pan-genoma de uma população. Pan-genoma é definido como o repertório total de genes presentes em um grupo de organismos, podendo ser subdividido em core-genoma e genoma acessório. O estudo detalhado dessas diferentes categorias de pan-genoma pode proporcionar informações que determinem o perfil de patogenicidade associado à fisiologia do patógeno. Este trabalho visa uma análise genômica de 97 isolados diferentes de *E. aerogenes*, para a determinação do pan-genoma e sua correlação com a fisiologia da espécie. Além disso, visa expor como estão organizados esses genes determinantes do metabolismo e como os diferentes plasmídeos estão distribuídos entre as cepas, tornando-as mais ou menos resistentes a diversos antibióticos. Para a realização do trabalho, foram obtidos conjuntos de dados disponíveis publicamente no NCBI. Os genomas foram montados com o software SPAdes e a predição de genes, determinação do pan-genoma e filogenia foram realizados a partir de uma combinação de vários programas. Os resultados indicam uma alta taxa de conservação entre os isolados e a presença majoritária do plasmídeo pEA1509_B, que pode estar associado à distribuição filogenética dos isolados. A análise do pan-genoma desse grupo de organismos pode não somente definir parâmetros genéticos para a fisiologia da bactéria, como também elucidar um conjunto de genes relacionados ao fenótipo de resistência a antibióticos apresentados *in vitro*.

Palavras-chave: Bioinformática, Pan-Genoma, *Enterobacter aerogenes*
Instituição de fomento: CNPq, FAPERJ, UENF