Características genômicas das cepas de *Enterobacter aerogenes* Ea5A, Ea7A, KCTC 2190 e EA1509E disponíveis em dados públicos.

Vitória R. L. ferreira¹, Ellen C. S. Bezerra¹, Antônio M. Rezende², Rodrigo S. Galhardo³, Ingrid R. Alves³, Ana C. S. Lopes⁴, Adriane B. Cabral^{1, 4}.

¹Uncisal, Rua Dr. Jorge De Lima, 113, Trapiche da Barra, 57010-000, Maceió-Al. E-mail: vicklira7@gmail.com. ²⁻⁴UFPE e Fiocruz Av. Prof. morais rego, 50670-901, cidade universitária, Recife-Pe. ³ USP, Av. Prof. Lineu Prestes, 05508-000, Butantã, São Paulo-Sp.

Enterobacter aerogenes tornou-se um importante patógeno responsável por infecções relacionadas à assistência à saúde, mas também se destacando em colonização de pacientes e conseqüentemente servindo de fonte de transmissão para outros pacientes. Daí advém à importância das culturas de vigilância na redução da disseminação desses micro-organismos em ambientes hospitalares. Portanto, o objetivo do estudo foi pontuar características das cepas e dos genomas de *E. aerogenes* depositados no genbank. A pesquisa foi realizada no genbank a cerca dos genomas de *E. aerogenes* depositados nesse banco de dados públicos. Em seguida foi checado se esses dados tinham sido publicados. Através de consulta a essas publicações foram extraídas diversas informações sobre as cepas: Ea5A, Ea7A, KCTC 2190 e EA1509E. Em relação à origem das cepas, a cepa Ea5A foi proveniente de colonização; a cepa Ea7A, infecção; a cepa KCTC 2190 possivelmente foi de origem ambiental, uma vez que foi pesquisada quanto à sua capacidade de produtor de 2-3-butanediol e a cepa EA1509E trata-se de patógeno humano. Em relação ao cromossomo e sequências codificantes (CDS) cromossômicas, Ea5A, Ea7A, KCTC 2190 e EA1509E apresentaram cromossomo de 5,5; 5,4; 5,2 e 5,4 Mpb com 5571; 5351; 4.912 e 5.260 CD, respectivamente. Dentre as cepas, KCTC2190 não apresentou plasmídeos, as demais (Ea5A, Ea7A e EA1509E) apresentaram 2,4; 4,2; e 9,2 kpb plasmídeos com 438; 630 e 239 CDS, respectivamente. O sequenciamento genômico atualmente é uma ferramenta de grande valia, pois permite análises e comparações a nível genômico, permitindo verificar semelhanças entre o conteúdo genético das cepas de *E. aerogenes* mesmo sendo de diferentes fontes e regiões, bem como, diferenças entre as mesmas cepas. Sabe-se assim que se trata de um grupo diversificado o que justifica serem patogênicos para diferentes hospedeiros e sítios corpóreos.

Palavras-chave: *Enterobacter aerogenes*, características genômicas, genbank.