

Características genômicas das cepas de *Enterobacter cloacae* disponíveis em bancos de dados públicos

Ellen C. S. Bezerra¹, Vitória R. L. Ferreira¹, Antônio M. Rezende², Rodrigo S. Galhardo³, Ingrid R. Alves³, Ana C. S. Lopes⁴, Adriane B. Cabral^{1, 4}.

¹UNCISAL, Campus Governador Lamenha Filho Rua Doutor Jorge de Lima, 113 – Trapiche da Barra – 57010-300 – Maceió/AL. E-mail: ellencarolyna.silva@gmail.com. 2-4 UFPE e Fiocruz, Av. Prof. Moraes Rego, 50670-901, Cidade Universitária, Recife – PE. 3USP, Av. Prof. Lineu Prestes, 05508-000, Butantã, São Paulo-SP

Enterobacter cloacae é amplamente encontrada na natureza, mas também é um agente patogênico, envolvido em bacteremia, endocardite, artrite séptica, osteomielite, infecções de pele e tecidos moles, infecções do trato respiratório baixo, trato urinário e intra-abdominal. Este trabalho teve como objetivo caracterizar genomicamente as cepas de *E. cloacae* disponíveis no *GenBank*. A princípio, foi realizada uma pesquisa no *GenBank* acerca dos genomas de *E. cloacae* depositadas 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: Ec7A, Ec2A, ATCC 13047, ENHKU01, EcWSU1, SCF1 e SDM. Quanto à fonte de isolamento, as cepas Ec7A, Ec2A, ATCC 13047 foram provenientes de hospedeiro humano; ENHKU01, EcWSU1 oriundos de plantas e SCF1 e SDM foram coletados a partir do solo. Quanto as características genômicas, as cepas Ec7A, Ec2A, ATCC 13047, ENHKU01, EcWSU1, SCF1 e SDM apresentaram (1) tamanho do cromossomo de 4.81Mpb, 4.89Mpb, 5.31Mpb, 4.73Mpb, 4.76Mpb, 4.81Mpb, e 4.92Mpb, respectivamente; (2) genes cromossômicos: 4733, 4804, 5166, 4445, 4632, 4449 e 4539; (3) quantidade de plasmídeos: dois, três, dois, zero, um, zero e não determinado; (4) genes plasmidiais: 416, 512, 278 e 124, 0, não determinado, 0 e não determinado. Diante dos resultados podemos concluir que apesar das cepas serem provenientes de diferentes origens (humano, planta, solo) e de diferentes localizações geográficas, apresentaram características genômicas semelhantes (tamanho do cromossomo, quantidade de genes cromossômicos, plasmídeos, quantidade de genes plasmidiais, dentre outras características). Esses dados reforçam a importância do sequenciamento genômico como uma importante ferramenta para análises de micro-organismos.

Palavras-chave: *Enterobacter cloacae*, características genômicas, *GenBank*.