

**ANÁLISE COMPARATIVA ENTRE ISOLADOS DE *ENTEROBACTER CLOACAE* PROVENIENTES DE INFECÇÃO E CEPA DE REFERÊNCIA SEQUENCIADOS GENOMICAMENTE**

Adriane Borges Cabral<sup>1,2</sup>, Elza Ferreira Firmo<sup>1</sup>, Elizabeth Maria Bispo Beltrão<sup>1</sup>, Antônio M. Rezende<sup>3</sup>, Rodrigo S. Galhardo<sup>4</sup>, Ingrid R. Alves<sup>4</sup>, Ana Catarina S. Lopes<sup>1</sup>.

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

*Enterobacter* é um gênero extremamente diversificado da família *Enterobacteriaceae* podendo ser encontrado no solo, em plantas e na microbiota de humanos. Dentre as espécies do gênero, *Enterobacter cloacae* destaca-se como patógeno para o homem. Onze genomas completos de *Enterobacter* têm sido reportados ao NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/1219>). O sequenciamento genômico de dois isolados de *E. cloacae* patogênicos humanos, no presente estudo, permitirá um maior entendimento a cerca desta espécie, uma vez que, dentre os projetos de sequenciamento genômico de *E. cloacae*, apenas a cepa ATCC 13047 é patógeno humano. Para comparação entre os isolados Ec2A, Ec7A e a cepa de referência ATCC 13047 foi gerado o diagrama de Venn, através do qual foi possível pontuar os seguintes dados: 3498 genes foram compartilhados pelos três isolados patogênicos com 416, 128 e 445 proteínas exclusivas de Ec2A, Ec7A e ATCC 13047, respectivamente. Também foi possível detectar que Ec7A compartilha 3777 genes com a cepa de referência (que corresponde a 82,37% do seu genoma), enquanto Ec2A apresenta 3532 comuns à cepa de referência (que corresponde a 76,32%), logo dentre os isolados, Ec7A é mais similar à cepa de referência comparada. A análise comparativa dos genomas dos isolados Ec7A, Ec2A e da cepa de referência ATCC 13047 permite confirmar a diversidade genética entre os componentes do complexo *E. cloacae*, o que explica a facilidade de ser patógeno para diferentes organismos e diferentes sítios corpóreos.

**Palavras-chave:** *Enterobacter cloacae*, sequenciamento genômico, cepas de referência