

INFECÇÃO OCULAR VERSUS BACTEREMIA: ANÁLISE COMPARATIVA
ENTRE ISOLADOS DE *ENTEROBACTER CLOACAE* SEQUENCIADOS
GENOMICAMENTE

Adriane Borges Cabral^{1,2}, Elza Ferreira Firmo¹, Elizabeth Maria Bispo Beltrão¹,
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 cloacae é uma bactéria gram-negativa frequentemente envolvida em infecções relacionadas à assistência à saúde, especialmente em pacientes neonatais.

Foram utilizados dois genomas de *E. cloacae* com relação clonal pela ERIC-PCR: um proveniente de infecção ocular (Ec2A) e o outro proveniente de bacteremia (Ec7A), ambos coletados de UTI neonatal com o objetivo de verificar semelhanças e particularidades genômicas dos isolados através do Diagrama de Venn. A quantidade de genes cromossômicos detectados em Ec7A e Ec2A foi 4733 e 4804, respectivamente, por sua vez, a quantidade de genes plasmidiais nesses isolados foi 416 e 512, respectivamente. Percebe-se que Ec7A e Ec2A apresentam 4178 genes em comum, que corresponde a 91% do genoma de Ec7A e 90,28% do genoma de Ec2A. 450 proteínas foram exclusivas de Ec2A versus 407 proteínas exclusivas de Ec7A. Considerando o DNA plasmidial o isolado Ec7A apresentou 192 proteínas exclusivas versus 334 em Ec2A. Esses achados ressaltam que mesmo os isolados apresentando relação clonal pela ERIC-PCR e provenientes do mesmo setor hospitalar, eles apresentaram quantidade de genes diferentes, além dos genes que são exclusivos de cada isolado, mostrando que não são idênticos geneticamente. A informação genômica obtida aumenta o conhecimento sobre *E. cloacae* patogênico para o homem, visto que na literatura predominam dados sobre sequenciamento genômico de *E. cloacae* endófitos ou patogênicos para plantas.

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