



Análise da estrutura populacional de *Klebsiella aerogenes* a partir da técnica de *Multilocus Sequence Typing (MLST)*

Hemanoel Passarelli Araujo, Jussara Kasuko Palmeiro, Francisnei Pedrosa da Silva, Libera Maria Dalla-Costa, Thiago Motta Venancio

Klebsiella aerogenes adquiriu importância clínica como bactéria oportunista e emergiu como patógeno nosocomial emergente especialmente em pacientes sob ventilação mecânica atendidos em unidades de terapia intensiva. A capacidade de identificação de bactérias patogênicas, tais como *K. aerogenes*, é fundamental para o estudo epidemiológico e evolutivo. Sendo assim, a introdução da técnica de multilocus sequence typing (MLST) na caracterização da relação clonal de patógenos bacterianos tem causado um grande impacto nas rotinas de vigilância epidemiológica e nos estudos de populações microbianas. MLST é um procedimento em que os polimorfismos de nucleotídeo único (*Single Nucleotide Polymorphisms*, SNPs) de sete genes conservados são utilizados de forma combinada para distinguir grupos clonais. Uma vez que é possível discernir o grau de identidade, torna-se possível identificar os diferentes padrões evolutivos dos grupos com genótipos similares, a exemplo por perfil de resistência e virulência. O objetivo desse trabalho é a caracterização da estrutura populacional de *K. aerogenes*, identificando os principais grupos clonais e analisando a diversidade e distribuição dos mesmos no pan-genoma da espécie. Esse estudo foi conduzido com 97 cepas de *K. aerogenes* disponíveis publicamente que tiveram seus genomas montados com o software SPAdes. A predição gênica foi realizada com o Prokka e a reconstrução filogenética feita a partir do core genoma com o programa RaxML. Para as análises de MLST, empregamos o software e-burst que determina as ligações genéticas entre as cepas a partir dos sete haplótipos previamente determinados como bons marcadores moleculares para a espécie. Os resultados mostram que a população de *K. aerogenes* é dividida em aproximadamente dez grupos clonais, sendo dois destes inéditos, identificados neste estudo. Além disso, 37 novos haplótipos foram determinados. Nossos resultados também suportam o alto grau de variabilidade genética de *K. aerogenes* e uma distribuição populacional bem definida, tanto por MLST quanto por SNPs do core genoma. Este trabalho apresenta resultados relevantes para a elucidação de aspectos biológicos de *K. aerogenes*, como também provê informações importantes para epidemiologia molecular desse patógeno no contexto global.

Palavras-chave: *Klebsiella aerogenes*, Pan-genoma, *Multilocus Sequence typing*

Instituições de fomento: CNPq, CAPES, FAPERJ, UENF