



## Genômica comparativa e diversidade genética do gênero *Campylobacter*

Sarah Henaut Jacobs<sup>1</sup>, Hemanuel Passarelli-Araujo<sup>1,2</sup>, Thiago Motta Venancio<sup>1</sup>

1 - Laboratório de Química e Função de Proteínas e Peptídeos, Centro de Biociências e Biotecnologia, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, Brazil.

2 - Departamento de Bioquímica e Imunologia, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG, Brazil

O uso indiscriminado de antibióticos resultou em nichos propícios à evolução de bactérias multirresistentes. O gênero *Campylobacter* compreende bacilos Gram-negativos e móveis que geralmente habitam o trato gastrointestinal de alguns animais. Em 2017, a Organização Mundial da Saúde destacou espécies do gênero *Campylobacter* como altamente prioritárias para estudo. Diferente de outras espécies bacterianas geralmente associadas a surtos hospitalares, *Campylobacter* apresenta uma forte associação a surtos comunitários. Contudo, ainda existe um viés de estudo para *C. jejuni* e *C. coli*, particularmente por serem patógenos humanos associados a altas taxas de mortalidade, e *C. fetus* por apresentar alta relevância veterinária. Este trabalho objetiva analisar o gênero *Campylobacter* como um todo para estimar a diversidade do gênero e prospectar potenciais patógenos de acordo com o perfil de presença e ausência de genes de resistência e virulência. Para a realização deste trabalho, todos os 3277 genomas de *Campylobacter* disponíveis no Genbank foram baixados e filtrados por qualidade. Os genomas foram anotados utilizando o programa prokka v1.14.6 e os genes preditos submetidos à análises de perfis de resistência e virulência. Nós identificamos importantes padrões quanto ao conteúdo GC e tamanho de genomas ao observar as diferentes espécies de *Campylobacter*, aonde encontramos um padrão de agrupamento de genomas das mesmas espécies quanto às duas características. Através da análise de identidade média de nucleotídeos (ANI), foi possível observar discrepâncias entre o número de genomas identificados como cada espécie e aqueles realmente próximos entre si. Por exemplo, ao analisarmos *C. coli*, a taxa de erro entre o número de genomas previstos no Genbank e aqueles que apresentaram um valor maior que 95% de ANI foi de aproximadamente 14%. Já para *C. fetus*, esta taxa de erro de classificação foi de aproximadamente 45%, sendo possível observar um agrupamento dos genomas classificados erroneamente como parte da espécie, caracterizando uma potencial nova espécie. Tais resultados apontam um possível problema de classificação do gênero. Nossas análises também revelaram interessantes padrões de presença de genes de virulência e resistência em todo o gênero. Nosso trabalho abre uma nova perspectiva sobre o gênero *Campylobacter*, para além das espécies com maior relevância clínica e econômica no momento, a partir da investigação genômica de espécies ora pouco conhecidas.

Instituição do Programa de IC, IT ou PG: UENF

Fomento da bolsa (quando aplicável): CNPq