

Montagem e análise genômica de isolados de *Enterobacter aerogenes*, um patógeno nosocomial emergente

Hemanoel Passarelli Araujo, Filipe Pereira Matteoli, Jussara Kasuko Palmeiro, Líbera Dalla-Costa, Thiago Motta Venancio

Enterobacter spp têm sido reconhecido como patógeno nosocomial emergente. As infecções por *Enterobacter* spp acometem principalmente pacientes internados em unidades de terapia intensiva. *Enterobacter cloacae* e *Enterobacter aerogenes* são as espécies mais comuns em infecções humanas, como as infecções de corrente sanguínea, urinárias, respiratórias, do sistema nervoso central, de pele e partes moles. O crescente aumento da resistência a antimicrobianos de amplo espectro em *E. aerogenes* tem sido motivo de grande preocupação. No Brasil já foram relatados surtos de infecção por *E. aerogenes* pan-resistentes com altas taxas de mortalidade. Esses micro-organismos são altamente eficazes na aquisição e regulação de genes que codificam proteínas envolvidas na resistência a múltiplas drogas, particularmente na presença da pressão seletiva do antibiótico. Diversas técnicas fenotípicas e moleculares tem sido utilizadas para melhor compreender essas bactérias. Na última década, metodologias de sequenciamento de segunda geração tem sido cada vez mais empregadas, visando uma melhor compreensão da aquisição de resistência. Em parceria com o Hospital das Clínicas da UFPR (HC-UFPR), foram sequenciados quatro genomas isolados de *E. aerogenes* resistentes à diversos antibióticos. O sequenciamento foi realizado na plataforma de HiSeq 2500 (Illumina). Este projeto consiste na avaliação comparativa de ferramentas de montagem e anotação destes genomas, com posterior análise minuciosa de genes de resistência à drogas. Nossos resultados preliminares mostram análises de qualidade do sequenciamento e comparação de montagens realizadas com os *assemblers* SPAdes e Velvet. Também serão realizadas anotações dos genomas com diferentes softwares, análises filogenéticas e prospecção de plasmídeos. Por fim, estes genomas serão comparados com aqueles disponíveis publicamente. Tal informação, agregada a bancos de dados de genes de resistência, poderá auxiliar na identificação de genes ou mutações que possam explicar os fenótipos de resistência observados em testes laboratoriais.

Palavras-chave: Bioinformática, Montagem de genomas, resistência a antibióticos.
Instituições de fomento: UENF, FAPERJ e CNPq.