



## XII SIMPÓSIO DE MICROBIOLOGIA DA UFMG

### Microbiologia Translacional

03 a 05 de Dezembro de 2025

Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil



---

## **CORYNEBACTERIUM JEIKEIUM ISOLADO DE INFECÇÃO SISTÊMICA DE PACIENTE HOSPITALIZADO: ANÁLISE GENÔMICA COMPARATIVA DA ESPÉCIE E ESTUDO DE CASO**

CASTRO D. L. C.<sup>1\*</sup>; ARAUJO M. R. B.<sup>1,2</sup>; LANA L. F.<sup>1</sup>; ALFREDOVICH G. A.<sup>1</sup>; RODRIGUES E. B.<sup>1,2</sup>; COSTA V. D. C.<sup>1</sup>; RIBEIRO R. A.<sup>1</sup>; RODRIGUES M. L. C.<sup>1</sup>; AZEVEDO V.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Genética, Ecologia e Evolução, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil;

<sup>2</sup>Núcleo Técnico Operacional, Microbiologia, Instituto Hermes Pardini, Vespasiano, Minas Gerais, Brasil.

\*E-mail: diogocastro40@gmail.com

*Corynebacterium jeikeium* é um patógeno oportunista associado a infecções nosocomiais, com relatos de multirresistência antimicrobiana e relacionado a dispositivos médicos. Este estudo teve como objetivo analisar o caso clínico e investigar a diversidade genômica, conservação estrutural e presença de sinais de seleção positiva em um isolado de *C. jeikeium* obtido de infecção sistêmica de um paciente hospitalizado no Brasil. Além do genoma do nosso estudo, foram incluídos quatro genomas públicos da espécie. Realizamos a identificação por MALDI-TOF MS, o teste de susceptibilidade aos antimicrobianos, a extração e sequenciamento do DNA, bem como análises com ferramentas de bioinformática que incluíram Panaroo, Mauve, OrthoFinder e POTION, dentre outras, integrando abordagens de genômica comparativa, sintenia e seleção positiva. A análise comparativa dos genomas confirmou um conjunto altamente conservado de 2.414 famílias gênicas, das quais 73,15% compõem o genoma central, evidenciando uma plasticidade que possivelmente se correlaciona a nichos ecológicos restritos. A classificação funcional dos genes revelou predominância de categorias associadas à tradução, estrutura ribossomal e biogênese, além de transporte e metabolismo de aminoácidos e íons inorgânicos. A análise de sintenia demonstrou ampla colinearidade entre os genomas, interrompida por inversões e translocações localizadas, sugerindo estabilidade estrutural associada a rearranjos pontuais próximos a elementos móveis. Esses padrões indicam conservação do repertório gênico essencial, com variabilidade limitada a determinadas regiões do genoma. A análise de seleção positiva não identificou genes sob forte pressão seletiva após correção por FDR ( $q < 0,05$ ), sugerindo uma possível pressão seletiva de baixa intensidade ou recente. Em conjunto, os resultados indicam que *C. jeikeium* apresenta uma estrutura genômica conservada, compatível com a adaptação a nichos de infecção restritos, como dispositivos médicos, onde pressões seletivas estáveis possivelmente favoreçam a manutenção de funções essenciais.

Apoio financeiro: FAPEMIG.

Palavras-chave: *Corynebacterium jeikeium*; genômica comparativa; sintenia; seleção positiva; evolução bacteriana; bacteremia.