

Rapid genetic and phenotypic changes in *Pseudomonas aeruginosa* clinical strains during ventilator-associated pneumonia

Elise Persyn^{1,2}, Mohamed Sassi³, Marc Aubry⁴, Martin Broly², Sandie Delanou¹, Karim Asehnoune^{1,2}, Nathalie Caroff¹, Lise Crémet^{1,2}

¹EA3826 Université de Nantes, IRS2 Nantes Biotech

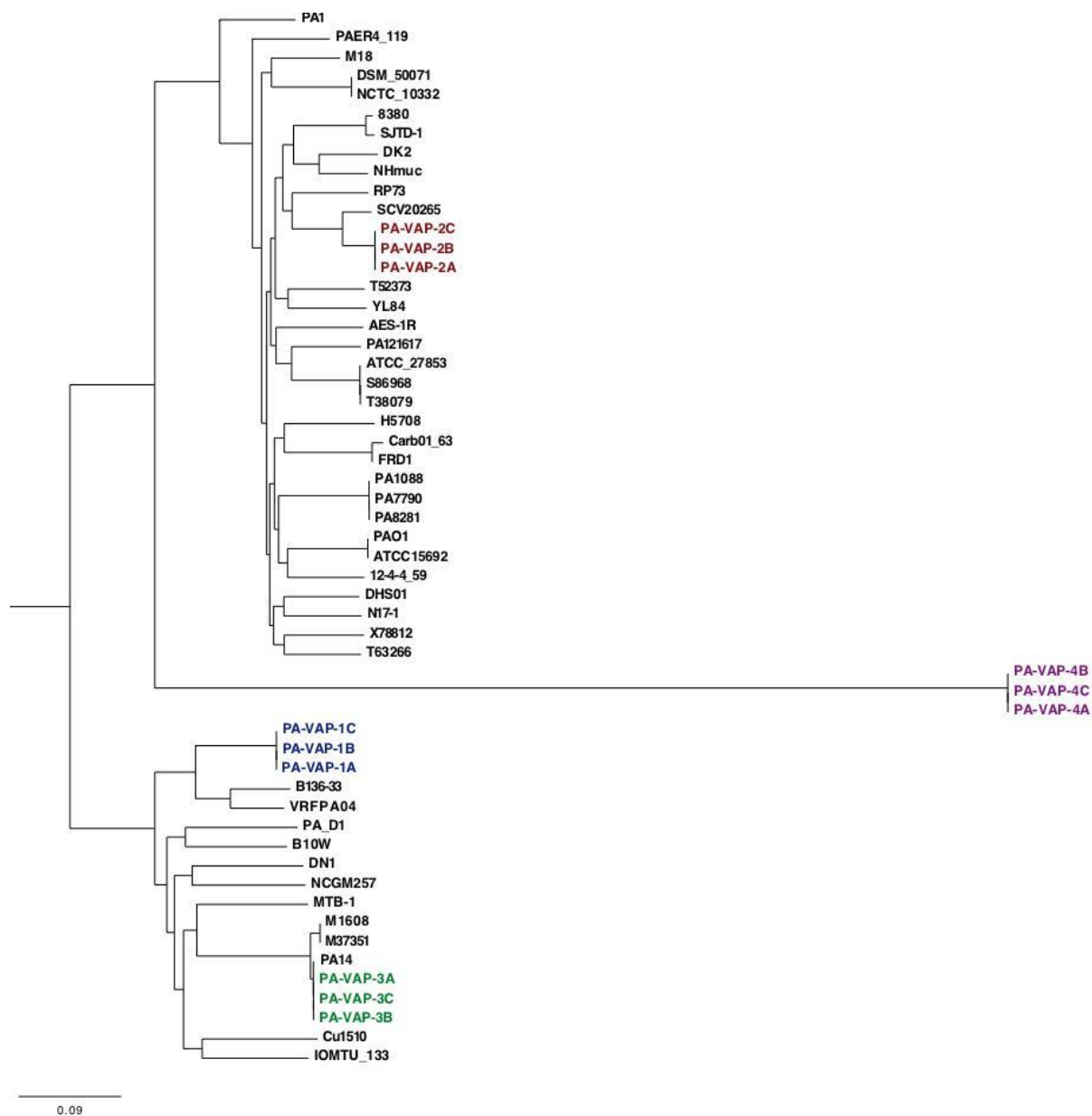
² CHU Nantes, 9 quai Moncousu, Nantes Cedex 1, F-44093 France

³Inserm U835, Université de Rennes

⁴Université de Rennes, CNRS, IGDR [(Institut de génétique et développement de Rennes)] - UMR

6290, F-35000 Rennes, France ; Université de Rennes, Plateforme GEH, CNRS, Inserm, BIOSIT - UMS

3480, US_S 018, F-35000 Rennes, France



Supplementary Figure S1. Phylogenetic analysis of the 12 isolates and 43 *P. aeruginosa* genomes