**PERFIL DE CEPAS DA ESPÉCIE** *Candida albicans* **ASSOCIADAS A SEQUÊNCIAS DA REGIÃO ITS: UM ESTUDO NO BANCO DE DADOS GENBANK**

Ester Sousa Costa¹; Jhuliana Silva Cardoso2; Rodrigo Santos de Oliveira3

1Acadêmica de Biomedicina. Universidade da Amazônia (UNAMA). estercosta2602@gmail.com

2Acadêmica de Biomedicina. Universidade da Amazônia (UNAMA). jhucardoso05@gmail.com.

3Doutor em Biologia de Agentes Infecto-Parasitários. Universidade da Amazônia (UNAMA). 260200083@prof.unama.br.

# RESUMO

**Introdução:** A *Candida albicans* é a espécie mais comum em infecções oportunistas, fazendo parte da microbiota humana. É classificada como dimórfica, com predominância morfológica de levedura. Além disso, exibe grande interesse clínico e epidemiológico, principalmente pelo seu perfil de resistência a antifúngicos. Por isso, o monitoramento de cepas desse grupo vem aumentando, principalmente através de marcadores moleculares, tais como a região *ITS* (*Internal transcribed spacer*). Diante disso, torna-se importante o monitoramento molecular dessas cepas, visando a identificação de genótipos/haplótipos, os quais podem influenciar o perfil clínico no paciente. **Objetivo:** Determinar o perfil de cepas de *Candida albicans* associadas a sequências da região ITS, depositadas no banco de dados GenBank no ano de 2022. **Metodologia:** 6013 resultadosforam detectados na plataforma *GenBank*, utilizando as palavras-chaves “*candida albicans*” e “*internal*”, juntamente com o conectivo “*and*”. Durante o processo de seleção, eliminou-se 5607 registros que não haviam sido realizados no período de 2022, não apresentaram as regiões ITS completas ou que apresentavam um comprimento de sequência nucleotídica maior que 600 nucleotídeos. Assim, 406 sequências foram incluídas. O arquivo Genbank das sequências foi utilizado para a obtenção das seguintes variáveis: 1) Localização geográfica de isolamento da cepa; 2) Tipo de amostra utilizada para isolamento. As variáveis foram organizadas no programa Excel (Pacote Microsoft 316®), para estatística descritiva, através da elaboração de tabelas com frequência absolutas e relativas. As sequências no formato Fasta foram alinhadas no servidor *online* MAFFT 7. Posteriormente, utilizou-se o programa *DNASP* para determinação da diversidade haplotípica e o programa *Network 10.2* para a geração da rede haplotípica. **Resultados e Discussão:** Assim, constatou-se que 49,24% dos isolados se concentraram em países do continente Asiático (Iraque, Irã, Índia, Tailândia e China) e 63,69% das amostras foram retiradas de pacientes imunocomprometidos, o que pode estar relacionado as condições socio-econômico desses locais e, também, ao caracter oportunista associado a essa espécie. As sequências analisadas apresentaram uma baixa diversidade haplotípica (Hd= 0,2623), resultando na identificação de 46 haplótipos diferentes. O haplótipo 1 (H1) foi o mais frequente (85,46%). Os haplótipos 2, 3, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 12, 13, 14, 21, 34 e 39 apresentaram apenas uma mutação de diferença em relação a H1, indicando que são haplótipos extremamente semelhantes. Os haplótipos 22, 27, 29, 30, 31, 37, 41, 42, 43, 44, 45 e 46 apresentam-se distantes de H1. Destaca-se que o haplótipo H1 demonstrou-se presente em diversos locais de isolamento, tais como cavidade oral, vaginal, nasal e fezes neonatais, em amostras de origem dos continentes Asiático e Africano. Os haplótipos distantes de H1 restringiram-se a amostras isoladas de cavidade oral e lesão de pele no Iraque, continente Asiático. **Conclusão:** Pode-se determinar um perfil das cepas, demonstrando a alta frequência de H1. Diante disso, torna-se importante estudos que avaliem a influência dos genótipos nas manifestações clínico-epidemiológicas. Reforça-se a dificuldade em encontrar informações para traçar um perfil dessas cepas. Assim, torna-se importante o desenvolvimento de bancos voltados para o monitoramento de *Candida albicans*, a fim de monitorar o perfil genotípico dessas cepas.

**Palavras-chave:** Cepas; Rede haplotípica; Fungo.

**Área de Temática do Evento**: Micologia.

# REFERÊNCIAS:

DE ROSSI, Tatiane; LOZOVOY, Marcell Alysson Batisti; SILVA, Valeriano Da; *et al*. Interações entre Candida albicans e hospedeiro. **Semina: Ciências Biológicas e da Saúde**, v. 32, n. 1, p. 15–28, 2011.

NAVES, Plínio Lázaro Faleiro; PINTO SANTANA, Diogenes; LEÃO RIBEIRO, Evandro; *et al*. Novas abordagens sobre os fatores de virulência de Candida albicans. **Revista de Ciências Médicas e Biológicas**, v. 12, n. 2, p. 229, 2013.

TAVANTI, Arianna et al. Genetic evidence for recombination in Candida albicans based on haplotype analysis. Journals & Books, [s. l.], 4 fev. 2004. DOI https://doi.org/10.1016/j.fgb.2003.12.008. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1087184504000040. Acesso em: 31 out. 2023.

VIEIRA, Ana Júlia Hoffmann; SANTOS, Jairo Ivo Dos. Mecanismos de resistência de Candida albicans aos antifúngicos anfotericina B, fluconazol e caspofungina. **Revista Brasileira de Análises Clínicas**, v. 49, n. 3, 2017. Disponível em: <<http://www.gnresearch.org/doi/10.21877/2448-3877.201600407>>. Acesso em: 1 nov. 2023.