



ANÁLISE DA ORTOLOGIA DE ADESINAS DE CEPAS DE *Candida auris*

SOUZA, Josiany Costa.C¹; PADOVAN, Ana Carolina Barbosa ^{2, 3}

¹ Doutoranda, Programa de Pós Graduação em Biologia de Fungos, Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Departamento de Micologia (UFPE), Recife, PE.

² Orientadora, Programa de Pós Graduação em Biologia de Fungos, Universidade Federal de Pernambuco (UFPE)

³ Universidade Federal de Alfenas (UNIFAL-MG), Inst. Ciências Biomédicas, Departamento de Microbiologia e Imunologia, Alfenas, MG.

* Autor correspondente: cjosiany@gmail.com

Introdução: Adesinas fúngicas são complexos proteicos responsáveis pelo processo de adesão em superfícies bióticas e abióticas, pela interação que biofilmes tem com substratos e também pelas modificações na morfologia da colônia fúngica, denotando características únicas no processo de infecção. *Candida auris* é uma levedura patogênica emergente, responsável por causar diversas infecções fúngicas. Ela apresenta altos níveis de infecção e resistência a mais de uma classe de antifúngicos, como também, a produtos de descontaminação. A colonização pode-se iniciar na pele e em outros sítios do corpo e persiste por muito tempo, favorecendo a contaminação dos ambientes pelo fungo. Apesar de sua identificação primária ter sido em 2009 no Japão, *C. auris* tem evoluído e se espalhado, chegando ao Brasil em um surto em Salvador em 2020. Existem atualmente cinco grupos ou clados que divergiram em regiões diferentes do mundo e que apresentam características de virulência e resistência distintos. Contudo, pouco se sabe sobre as diferenças de adesinas nesses grupos. **Objetivo:** Nesse sentido, o presente trabalho objetivou descrever adesinas de *C.auris* presentes em três clados evolutivos apresentando a ortologia existente entre elas. **Método:** Foram realizadas análises *in silico* de proteomas obtidos do NCBI-GenBank de *C. auris* B8441 (clado I, Paquistão), B11221 (clado III, Africa do Sul) e B11245 (clado IV, Venezuela) sendo este último, encontrado também no Brasil. Os proteomas foram analisados no FungalRV (<https://fungalrv.igib.res.in/>) para buscas por adesinas. As adesinas preditas foram analisadas na ferramenta OrhoFinder para verificar a ortologia. **Resultados:** Os proteomas extraídos do NCBI tiveram, respectivamente, a quantidade de 5.419, 5.521 e 5.506 proteínas nos clados I, III e IV. Desses, o FungalRV resultou como adesinas 112 (2%) proteínas no clado I, 113 (2%) no clado III e 127 (2,3%) no clado IV. O OrhoFinder mostrou que 321 adesinas são ortólogas, com a formação de 100 grupos ortólogos, sendo 82 deles com

adesinas semelhantes entre os três clados. O maior grupo contém 17 adesinas (6 representantes do clado I, 6 do clado III e 5 do clado IV). Já o menor grupo, com 2 adesinas possuía 1 representante do clado I e 1 do IV. As análises ainda mostraram 3 adesinas únicas não-ortólogas nos clados I e III, e 25 adesinas no clado IV, o mais diverso. Estudos apontam que os clados I, III e IV são os mais resistentes e com difícil controle em todo o mundo, além disso esses três clados dispõem de alta resistência aos azólicos e equinocandinas, enquanto o clado I e IV são resistentes a fluconazol e a anfotericina B. **Conclusão:** Observa-se a necessidade de conhecer as adesinas desse patógeno emergente, tendo em vista o alto número de compartilhamento de adesinas ortólogas, bem como conhecer mais sobre as adesinas únicas no clado IV, que é responsável por surtos no nordeste do Brasil e pode se espalhar pelo país. Dessa forma, será mais efetiva a aplicação de medidas mitigadoras com a finalidade de promover o controle de surtos desse fungo resistente principalmente em unidades hospitalares ao qual as pessoas ficam expostas.

Palavras-chave: Levedura emergente; Clado; Proteoma.