

M-055-23 SISTEMAS DE GENOTIPAGEM (MULTILOCUS ENZYME ELECTROPHORESIS, ELECTROPHORETIC KARYOTYPING E SIMPLE SEQUENCE REPEATS) ASSOCIADOS ÀS ANÁLISES GENÉTICAS E DE GRUPOS USADOS NA TRIAGEM EPIDEMIOLÓGICA MOLECULAR DE *Candida albican*

Autores: Boriollo MFG (FOP/UNICAMP – Faculdade de Odontologia de Piracicaba, São Paulo, SP, UNIFENAS – Universidade de Alfenas, Alfenas, MG) ; Rodrigues Netto MF (FOP/UNICAMP – Faculdade de Odontologia de Piracicaba, São Paulo, SP, UNIFENAS – Universidade de Alfenas, Alfenas, MG) ; Silva JJ (UNIFENAS – Universidade de Alfenas, Alfenas, MG) ; Höfling JF (FOP/UNICAMP – Faculdade de Odontologia de Piracicaba, São Paulo, SP)

Resumo

Candida albicans e espécies relacionadas são encontradas de forma ubíqua e comensal na microbiota de cavidades e pele humanas. Sistemas de genotipagem molecular (e.g., Eletroforese de Enzimas Multilocos – MLEE, Cariotipagem Eletroforética – EK e Marcadores Microssatélites – SSRs), análises de diversidade genética e de agrupamento apresentam diversas finalidades no campo da micologia médica. A investigação dos métodos MLEE, EK e SSRs, quanto à capacidade de agrupar linhagens (simple matching similarity coefficient SSM e SAHN clustering methods), poder discriminatório (Simpson's index of diversity), concordância (Pearson product-moment correlation coefficient) e similaridade de grupos (Jaccard' similarity coefficient SJ), foi feita com 75 isolados bucais de *C. albicans*. Métodos standards de MLEE (14 loci isoenzimáticos, EK (eletroforese em gel de campo pulsado – PFGE de DNA cromossômico em sistema CHEF-DRII BioRad) e SSRs (3 loci gênicos) foram realizados. O poder discriminatório dos sistemas de genotipagem foi >95%. Fraca concordância entre as matrizes de similaridade (SSM: MLEE x EK x SSRs) foi observada. Análises de agrupamento mostraram uma média de 9 ±12,4 isolados/grupo (3,8 ±8 isolados/taxon), 6,2 ±4,9 isolados/grupo (4 ±4,5 isolados/taxon) e 4,1 ±2,3 isolados/grupo (2,6 ±2,3 isolados/taxon), para os métodos MLEE, SSRs e EK, respectivamente. Um total de 45 (13%), 39 (11,2%), 5 (1,4%) e 3 (0,9%) pares de grupos mostrou 0,1-10%, 10,1-20%, 20,1-30% e 30,1-40% de SJ, respectivamente, e 255 (73,5%) pares de grupos com SJ nula. O poder discriminatório evidenciado pelos três métodos de genotipagem mostrou-se satisfatório. Contudo, os dados sugerem disparidade entre os três métodos moleculares associados às análises de similaridade genética e de agrupamento, separadamente. A somatória dos perfis alélicos e cromossômicos fornecidos pelos sistemas de genotipagem MLEE, EK e SSRs, suplementando as análises dos dados (similaridade, relacionamento genético e grupos), tem sido sugerida uma vez que a consistência dos resultados pode ser melhor assegurada nas investigações epidemiológicas moleculares de *Candida albicans*. CNPq (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – Processo 157768/2011-2).