

TÍTULO: LEVANTAMENTO DA DIVERSIDADE GENOTÍPICA DE IGS1 rDNA DE QUATRO ESPÉCIES DE *Trichosporon* E SUA RELAÇÃO COM A EMERGÊNCIA DE RESISTÊNCIA À ANTIFÚNGICOS, SÍTIO DE ISOLAMENTO E DISPERSÃO GEOGRÁFICA MUNDIAL

AUTORES: SILVA, E.A.^{2,1}; PADOVAN., A.C.B.¹

AFILIAÇÃO: 1-LABORATÓRIO DE BIOLOGIA MOLECULAR DE MICRORGANISMOS, UNIVERIDADE FEDERAL DE ALFENAS (RUA GABRIEL MONTEIRO DA SILVA, 700, Q124/125, CEP: 37136-001, ALFENAS - MINAS GERAIS, BRASIL). 2- PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS (PPGCB) – UNIVERIDADE FEDERAL DE ALFENAS (RUA GABRIEL MONTEIRO DA SILVA, 700, Q124/125, CEP: 37136-001, ALFENAS - MINAS GERAIS, BRASIL)

RESUMO:

Trichosporon spp. são fungos Basidiomycota que crescem como blastoconídios, hifas e artroconídios. O gênero abriga 20 espécies sendo as mais relevantes na clínica: *T. asahii*, *T. asteroides*, *T. faecale*, *T. inkin* e *T. ovoides*. A identificação acurada das espécies ocorre pelo sequenciamento da região espaçadora intergênica 1 (IGS1) do rDNA que demonstrou ter diversidade genotípica em *T. asahii* e *T. faecale*. Contudo, não se conhece as implicações dessa diversidade na epidemiologia do gênero. O trabalho objetivou pesquisar sequências de IGS1 de *T. asteroides*, *T. faecale*, *T. inkin* e *T. ovoides* para investigar a presença de genótipos e relacioná-los com dados epidemiológicos. Foram pesquisadas sequências de IGS1 depositadas no NCBI-GenBank até 31/12/2019. O levantamento de dados epidemiológicos como ano de isolamento, sítio, país e concentração inibitória mínima (CIM) de antifúngicos (anfotericina B (AMB), fluconazol (FLZ) e voriconazol (VRZ) foi obtido de publicações ou descritivo da sequência no NCBI. O alinhamento foi realizado no SEAVIEW e análise haplotípica no DnaSP 5.10. Nas buscas, foram encontradas 39 sequências de *T. asteroides*, 29 *T. faecale*, 38 *T. inkin* e 4 *T. ovoides*. Análises haplotípicas revelaram de forma inédita 3 genótipos em *T. faecale*, além dos 3 já descritos, 5 em *T. inkin*, 4 em *T. asteroides* e 3 em *T. ovoides*. O ano de isolamento ocorreu entre 1926 e 2019. A dispersão geográfica das espécies ocorreu pela Argentina, China, Índia, Itália, Portugal, Suíça e Turquia, sendo prevalentes no Brasil, exceto *T. ovoides*. Quanto aos sítios, no sangue (12) e vias respiratórias (11) predominou *T. asteroides*; em micoses superficiais *T. inkin* (19) e *T. faecale* (18), com G1 prevalente em todos os sítios levantados. *T. ovoides* foi isolado de sangue (2) e micoses superficiais (2). As CIMs para *T. asteroides* mostraram média geométrica dos genótipos para AMB de 1,48µg/mL, FLZ: 0,87µg/mL e VRZ: 0,04µg/mL, com G1>G3>G2; *T. faecale*: AMB: 1,94µg/mL, FLZ: 5,08µg/mL e VRZ: 0,1µg/mL, com G1>GNs para AMB e VRZ e G5>GNs para FLZ; *T. inkin*: AMB: 1,04µg/mL, FLZ: 1,65µg/mL e VRZ: 0,11µg/mL, com G4>G1>G3. *T. ovoides* não apresentou CIMs. Em conclusão, foi possível detectar genótipos inéditos de IGS1 rDNA nas 4 espécies de *Trichosporon* spp., sendo o Brasil, um dos países com maior número de isolados e genótipos, destacando-se nos sítios as amostras respiratórias e de micoses superficiais, confirmando o voriconazol como fármaco de escolha para tratamento das tricosporonoses.

Palavras-chave: *Trichosporon* spp.; IGS1; genotipagem; dispersão geográfica; micoses superficiais

Agência Financiadora: CNPq-Brasil, Projeto Universal: 429302/2016-9.