

PESQUISA/INICIAÇÃO CIENTÍFICA - PESQUISA/ INICIAÇÃO CIENTÍFICA

**DETECÇÃO DE MARCADORES MOLECULARES DE RESISTÊNCIA
CRUZADA EM LEVEDURAS**

Gabriel Vichoski Santos (vichoski.gabriel@gmail.com)

Fabíola Lucini (fabiolalucini10@gmail.com)

Luana Rossato (luanarossato@ufgd.edu.br)

Larissa Rodrigues Pimentel (larissa_pimentel05@hotmail.com)

A resistência antifúngica, é um desafio crescente que afeta diretamente a eficácia terapêutica e o manejo de infecções oportunistas, impactando a saúde humana, animal e ambiental, o que se caracteriza no contexto One Health. Este estudo teve como objetivo caracterizar genômica e fenotipicamente linhagens clínicas de *Candida tropicalis*, avaliando a ocorrência de resistência cruzada entre fármacos clínicos e agroquímicos. Os isolados utilizados foram obtidos de um banco de leveduras mantido no Laboratório de Pesquisa em Ciências da Saúde, armazenados a -80 °C e reativados em meio Sabouraud Agar para assegurar a viabilidade e preservar as características originais. Após a reativação, as colônias foram utilizadas para determinação da Concentração Inibitória Mínima (CIM) em meio líquido para o fármaco clínico fluconazol e para o agroquímico tebuconazol, seguindo o protocolo de teste de suscetibilidade antifúngica proposto pelo Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI). Foram analisadas colônias adaptadas, provenientes de isolados previamente expostos a condições ambientais que poderiam induzir tolerância, e colônias não adaptadas, mantidas sem qualquer exposição prévia.

O desenvolvimento experimental incluiu o sequenciamento genômico das linhagens, seguido de montagem com bioinformática e anotação estrutural por pipelines específicas. A anotação funcional foi conduzida utilizando plataformas que permitiram identificar genes relacionados à resistência, virulência e adaptação ambiental, associando as informações genéticas a possíveis impactos fenotípicos. Os resultados revelaram a presença de genes clássicos de resistência a azóis, como *ERG11* e transportadores de efluxo da família ABC, além de genes ligados à adesão celular e à formação de biofilme, características importantes para colonização e persistência. Foram identificadas variantes gênicas em regiões codificadoras com potencial de alterar a função das proteínas, classificadas como de impacto moderado a alto. A análise comparativa das sequências revelou diversidade genômica significativa entre as linhagens estudadas, sugerindo a presença de variantes não catalogadas e reforçando a alta plasticidade genética de *C. tropicalis*. Também foram detectados elementos genômicos móveis e clusters biossintéticos que podem contribuir para a adaptação a diferentes ambientes e para a resistência a antifúngicos. No fenotípico, as colônias adaptadas apresentaram, na maioria, aumento dos valores de CIM para ambos os compostos testados, evidenciando a possibilidade de resistência cruzada decorrente da exposição prévia ao agroquímico. Esse achado sustenta a hipótese de que o uso de antifúngicos agrícolas pode favorecer a seleção de microrganismos resistentes, com implicações diretas para a saúde pública. O estudo reforça a necessidade de uma vigilância integrada, combinando análises genômicas e fenotípicas para o monitoramento contínuo de linhagens de *C. tropicalis*. Conclui-se que a caracterização genética e a avaliação da resistência cruzada são essenciais para compreender a dinâmica evolutiva desses microrganismos e para embasar estratégias de prevenção e controle mais eficazes, alinhadas aos princípios da abordagem One Health, de forma de preservar a eficácia terapêutica dos antifúngicos disponíveis. Agradecemos ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, a Fundação de Apoio ao Desenvolvimento do Ensino, Ciência e Tecnologia do Estado de Mato Grosso do Sul, a Universidade federal da Grande Dourados e ao Programa Institucional de Bolsas de Iniciação Científica pelo suporte financeiro e incentivo à pesquisa.

Palavras-chave: *Candida tropicalis*; resistência antifúngica; antifúngicos.