

Expresión de genes de lipasa de *Candida albicans* en aislados de lesiones estomatológicas

GRACIELA DEL VALLE CASTILLO*, MARÍA SOLEDAD MIRÓ**, CLAUDIA ELENA SOTOMAYOR**,

ANA ISABEL AZCURRA*

*Dpto. Biología Bucal, Facultad de Odontología, Universidad Nacional de Córdoba. Haya de la Torre S/N, Ciudad Universitaria, CP: 5000. Córdoba (Argentina).

**Centro de Investigaciones en Bioquímica Clínica e Inmunología (CIBICI), Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Nacional de Córdoba. Haya de la Torre y Medina Allende - Ciudad Universitaria - X5000HUA Córdoba – Argentina

El conocimiento del rol de la lipasa (LIP) de *Candida* en su virulencia es escaso. Se conocen 10 genes *Lip* con una expresión diferencial influenciada por la etapa de la infección y sitio de colonización.

Objetivo: Estudiar la expresión de genes *Lip* de *C.albicans* en aislados de pacientes con lesiones estomatológicas.

Métodos: de 61 pacientes con lesiones estomatológicas se seleccionaron 17 aislados *C.albicans*: 7 carcinomas bucales a células escamosas (CB), 5 líquenes atípicos (LIQ) y 5 candidiasis crónicas (CC); y 6 cepas de mucosa sana (SL). Se determinó la actividad lipolítica (LIP) mediante la técnica de Rodamina B. Se evaluó la transcripción de los genes *Lip3, 4, 5, 6, 7, 8* y *9* de cada aislado por RT-PCR que se expresó como frecuencia relativa para cada gen (FE). La semicuantificación relativa de los niveles de expresión de los transcritos se realizó previa normalización con el gen ARNm 18s (Gel-Pro Analyzer). Los datos fueron analizados mediante ANOVA ($p < 0,05$).

Resultados: Los aislados de lesiones estomatológicas mostraron producción de LIP, a diferencia de los aislados SL, donde el hongo se presenta como comensal. Las mayores FE de transcritos fueron observadas en los aislados de lesiones con el siguiente patrón de expresión: CC: *Lip5, Lip6, Lip7* y *Lip9*; LIQ: *Lip4, Lip5, Lip6* y *Lip9* y CB: *Lip3, Lip5, Lip6, Lip8* y *Lip9*. En los aislados de mucosa sana se observó aumento de FE de *Lip6* y *Lip7*, ausencia de *Lip3* y menor expresión de todos los genes estudiados. El análisis semicuantitativo mostró una expresión relativa aumentada para los transcritos de *Lip6* y *Lip7* en aislados SL (*Lip5* vs.*Lip6*, $p=0,0004$; *Lip7* vs. *Lip5*, $p=0,0024$) y mayor expresión de transcritos *Lip6* y *Lip7*, y *Lip3* en CC. En LIQ, todos los niveles de expresión de los transcritos fueron menores que en las otras lesiones. En CB, el transcritos *Lip6* fue el que presentó el mayor valor de expresión ($p < 0,0084$). El transcritos *Lip6* y *Lip9* fueron comunes a todos los aislados.

Conclusión: Los perfiles de expresión genética observados en la transcripción de genes que codifican para LIP sugerirían una modulación diferencial asociada tanto el nicho de aislamiento, como se observa en el caso de *Lip6* y *Lip9*, como a la patología bucal a la que se encuentra asociada al hongo.

Palabras clave: lipasa, genes, *Candida*, lesiones bucales.