

A New Approach to Virulence Factors of Candida albicans: From Gene to Function

Amirhossein Davari¹,
Fardin Ahmadvani¹,
Jalal Jafarzadeh¹,
Roghayeh Mirzakhani¹,
Somayeh Roodgari¹,
Soghra Bagheri¹,
Mojtaba Nabili²,
Maryam Moazeni^{3,4}

¹ MSc Student in Medical Mycology, Student Research Committee, Mazandaran University of Medical Sciences, Sari, Iran

² Assistant Professor, Faculty of Medicine, Sari Branch, Islamic Azad University, Sari, Iran

³ Assistant Professor, Department of Medical Mycology and Parasitology, Faculty of Medicine, Mazandaran University of Medical Sciences, Sari, Iran

⁴ Invasive Fungi Research Center, Mazandaran University of Medical Sciences, Sari, Iran

(Received December 10, 2019 ; Accepted September 22, 2019)

Abstract

Recently, there is an increasing trend in the diversity of pathogenic yeasts isolated from clinical samples. However, *Candida albicans* is even now the major cause of yeast infections. *Candida albicans* is one of the members of the mucosal microbiota which can cause cutaneous, mucosal, and disseminated invasive infections in susceptible individuals. For persistence in the host, the yeast must have the ability to adhere to both biotic and abiotic surfaces following host tissue invasion, and obtain iron. One of the important properties of this pathogenic yeast is dimorphism which is its ability to switch from a unicellular to a hyphal mode of growth. Dimorphism is triggered in response to certain environmental conditions, such as pH alternation, temperature, or serum availability. These changes which allow the yeast to invade are associated with the expression of several genes involving in its pathogenesis, including *SAP* genes family encoding the secreted aspartic proteinases (Saps), the agglutinin-like sequence (*ALS*) family encoding the adhesive proteins, and phenotypic and morphologic switching systems. This review aimed at summarizing recent data on the regulation and relevant signal transduction of some important essential genes associated with virulence factors in *Candida albicans*. Surely, understanding the genetic of the virulence factors would be of great benefit in effective combating the yeast and also in designing new antifungal agents.

Keywords: *Candida albicans*, virulence, gene expression regulation

J Mazandaran Univ Med Sci 2019; 29 (178): 181-196 (Persian).

* **Corresponding Author: Maryam Moazeni** - Invasive Fungi Research Center, Mazandaran University of Medical Sciences, Sari, Iran (E-mail: Moazeni.maryam@gmail.com)

نگرشی جدید به فاکتور های بیماریزای کاندیدا آلبیکنس: از ژن تا عملکرد

امیرحسین داوری^۱
 فردین احمدخانی^۱
 جلال جعفرزاده^۱
 رقیه میرزاخانی^۱
 سمیه رودگری^۱
 صغری باقری^۱
 مجتبی نبیلی^۲
 مریم مودنی^{۳،۴}

چکیده

در سال های اخیر، افزایش تنوع مخمرهای بیماری زا جدا شده از نمونه های بالینی مشاهده شده است. با این حال کاندیدا آلبیکنس همچنان عامل اصلی عفونت های قارچی مخمری است. کاندیدا آلبیکنس به عنوان یکی از مخمرهای مهم فلور نرمال مخاط بدن انسان، می تواند موجب عفونت های جلدی، مخاطی و منتشره در افراد مستعد شود. برای القاء عفونت، مخمر باید توانایی چسبندگی به سطوح زنده و غیر زنده و به دنبال آن مهاجم به بافت میزبان و جذب آهن را داشته باشد. یکی از اصلی ترین خصوصیات، قابلیت تغییر آن از حالت تک سلولی به حالت رشد هیفال است. دیمورفسم در پاسخ به برخی از شرایط خاص مانند دما، pH یا در دسترس بودن سرم ایجاد می گردد و این تغییرات که به ارگانسیم اجازه می دهد تا به بافت ها حمله کند با افزایش بیان چندین ژن در ارتباط است. این ژن ها شامل، خانواده ژنی SAP که مسئول کد کردن آسپارتیک پروتئازهای ترشحی (Saps) است، خانواده ژنی شبه آگلوتینین (ALS) که مسئول کد کردن پروتئین های چسبنده است و سیستم تغییر فنوتیپی و مورفولوژیکی، می باشد. در این مطالعه مروری سعی شده است تا با تکیه بر نتایج مطالعات اخیر در خصوص تنظیم سیگنال های ترشحی، مهمترین و ضروری ترین ژن های مسئول فاکتورهای ویروولانس کاندیدا آلبیکنس جمع آوری و ارائه گردد. درک صحیح از فیزیولوژی و ژنتیک فاکتورهای بیماریزایی این مخمر مطمئناً می تواند محققین را در جهت مقابله بهتر و موثرتر و طراحی دارو های جدید یاری دهد.

واژه های کلیدی: کاندیدا آلبیکنس، ویروولانس، تنظیم بیان ژن

مقدمه

حال، تنها تغییرات جزئی در وضعیت فیزیولوژیکی می تواند این مخمر بی ضرر را به یک پاتوژن تبدیل کند که موجب عفونت های مخاطی، سطحی و حتی عفونت های سیستمیک خطرناک در افراد با نقص سیستم ایمنی شود (۱). با افزایش تعداد افراد مبتلا به نقص در سیستم ایمنی از

کاندیدا آلبیکنس به عنوان فلور نرمال مخاط بدن، از حفره دهانی، لوله گوارشی و واژن قابل جداسازی می باشد، جایی که در تعادل با فلور میکروبی و سیستم ایمنی میزبان قرار دارد. وضعیت فیزیولوژیکی میزبان به عنوان فاکتور اولیه ابتلا به کاندیدیازیس می باشد. با این

E-mail: Moazeni.maryam@gmail.com

مؤلف مسئول: مریم مودنی - ساری: کیلومتر ۱۷ جاده فرح آباد، مجتمع دانشگاهی پیامبر اعظم (ص)، دانشکده پزشکی

۱. دانشجوی کارشناسی ارشد قارچ شناسی پزشکی، کمیته تحقیقات دانشجویی، دانشگاه علوم پزشکی مازندران، ساری، ایران

۲. استادیار، دانشکده پزشکی، واحد ساری، دانشگاه آزاد اسلامی، ساری، ایران

۳. استادیار، گروه انگل شناسی و قارچ شناسی پزشکی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی مازندران، ساری، ایران

۴. استادیار، مرکز تحقیقات قارچ های مهاجم، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی مازندران، ساری، ایران

تاریخ دریافت: ۱۳۹۷/۹/۱۹ تاریخ ارجاع جهت اصلاحات: ۱۳۹۷/۱۰/۴ تاریخ تصویب: ۱۳۹۸/۶/۳۱

نیز با معادل های لاتین آن از بانک های اطلاعاتی ملی و بین المللی از قبیل Scopus, Jrandoc, SID, Magiran, PubMed و Science direct انجام شد. زمان جستجو از ۱ مرداد الی ۳۱ مرداد ۱۳۹۷ بوده و مقالات منتشر شده بین سال های ۱۹۸۵-۲۰۱۸ مورد استفاده قرار گرفته است و جستجو توسط تمام پژوهشگران انجام شد.

فاکتور های ویروالانس کاندیدا آلبیکنس

اگرچه کاندیدا آلبیکنس یک ارگانسیم بسیار سازگار با بدن انسان می باشد اما دارای مجموعه ای از فاکتور های ویروالانس برای کلونیزه شدن در بدن میزبان، آسیب مستقیم یا اختلال در مکانیسم های دفاعی بدن میزبان می باشد. هدف اصلی یک میکروارگانسیم مرگ یا حتی آسیب به میزبان نیست، بلکه طی تکثیر و فرار از مرگ منجر به آسیب های جانبی در بدن میزبان نیز می گردد. در واقع به نظر می رسد در کاندیدا آلبیکنس، تغییر حالت از هم زیست بی ضرر به پاتوژن بیماری زا در تعادل است و به یک مجموعه گسترده ای از عوامل تعیین کننده ویروالانس منتهی می شود که به طور انتخابی در شرایط مناسب، مستعد بیان می شوند. فاکتور های ویروالانس بیان شده توسط کاندیدا آلبیکنس در ایجاد عفونت ها بر اساس نوع و محل عفونت و وضعیت سیستم ایمنی میزبان متفاوت می باشد. از جمله فاکتور های ویروالانس کاندیدا آلبیکنس می توان به مورفولوژی سلولی، فاکتور های چسبندگی، تغییر فنوتیپی و فعالیت های پروتئولیتیک و لیپولیتیک خارج سلولی اشاره کرد (۶). در این مطالعه مروری به چگونگی تنظیم بیان ژن های کد کننده این فاکتورها و مسیر ژنومی آن پرداخته شد.

۱- تغییر مورفولوژی

یکی از خصوصیات کاندیدا آلبیکنس توانایی رشد به شکل مخمر جوانه زنی تک سلولی و یا فرم فیلامنتی است. شکل هایفالی نقش کلیدی در پروسه ایجاد عفونت دارد و می تواند نفوذ به داخل بافت را تقویت، و باعث فرار از سیستم ایمنی میزبان شود (۸،۷). فاکتور های بسیاری

جمله ایدز، نوتروپنی، بیماران بستری در بخش ICU، احتمال ابتلا به کاندیدیازیس نیز افزایش می یابد. علاوه بر آن، حدود ۷۵ درصد خانم های سالم حداقل یک بار عفونت مخمری واژن را تجربه می کنند (۳،۲). با این که مرگ و میر بالای عفونت های سیستمیک باکتریایی با تجویز اولیه آنتی بیوتیک های وسیع الطیف کاهش یافته است، عفونت های سیستمیک قارچی به طور فزاینده ای باعث ایجاد مرگ و میر در افراد دارای نقص ایمنی می شوند (۱). در ایران، مهم ترین فاکتور های خطر کاندیدمی در درجه اول جراحی و سپس سوختگی می باشد. کاندیدوری علامت دار اغلب در بیماران که دارای سیستم ایمنی تضعیف شده می باشند و همچنین بیماران دارای کاتتر مثانه، رخ می دهد. بدخیمی های خونی و دستگاه ادراری تناسلی از مهمترین فاکتور های خطر عفونت کاندیدایی ادرار می باشد (۴). در دهه اخیر شیوع اندوکاردیت کاندیدایی رشد چشمگیری به خصوص در بیماران دارای بیماری دریچه قلبی زمینه ای، بیمارانی که تعویض دریچه قلب انجام داده اند، بیماران آلوده به ویروس نقص ایمنی انسانی و معتادان تزریقی، داشته است. اندوکاردیت کاندیدایی تهدید کننده حیات نیز می باشد (۵).

کاندیدا آلبیکنس یک ارگانسیم دیپلوئید حاوی ۸ کروموزوم است که به صورت کروموزوم 1-7 و کروموزوم R نیز نامیده می شود. در این مخمر، بیان ژن های خاص که در مراحل ویژه ای از زندگی قارچ نقش مهمی دارند، تحت شرایط خاصی از متابولیسم، استرس و تغذیه تقویت می شود و این در حالی است که برخی از ژن های دیگر مانند ژن های ریبوزومی تمایلی به بیان ندارند. با این حال، علی رغم افزایش اهمیت عفونت های کاندیدایی در پزشکی، بسیاری از تعاملات آن با میزبان هنوز درک نشده است. در این مطالعه مروری سعی شده است به روند تنظیم ژنتیکی فاکتور های ویروالانس کاندیدا آلبیکنس پرداخته شود.

در این مطالعه مروری، جستجوی مقالات با استفاده از کلید واژه های فارسی، کاندیدا آلبیکنس، بیماریزایی، پاتوژن، فاکتور ویروالانس، تنظیم ژنتیکی و

Nrg1 تنظیم می‌شود. Rim101 در مسیرهای القایی توسط تغییر pH نقش دارد (۹).

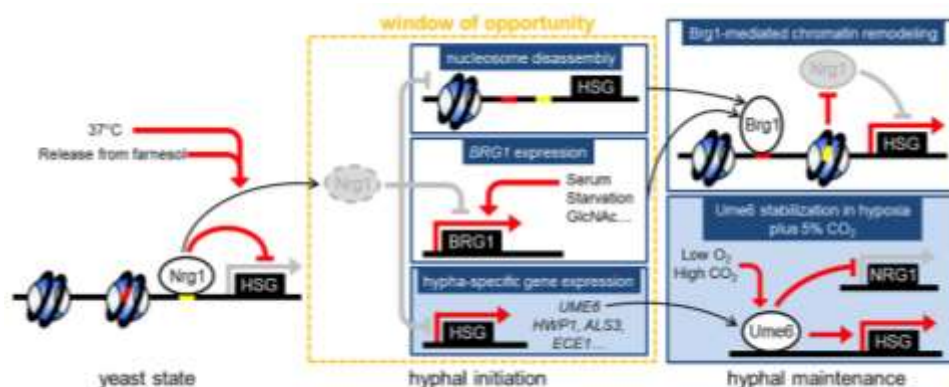
تنظیم بیان ژن‌های ویژه هایف ((HSG) (Hypheal Specific Genes)، یک تنظیم منفی می‌باشد که توسط یک کمپلکس متشکل از کمک مهارکننده رونویسی عمومی یعنی Tup1 که با مهارکننده Nrg1 مرتبط است، انجام می‌شود (۲۱-۱۸). در مخمرهای جوانه زن، Tup1 به عنوان یک مهارکننده برای تنظیم بسیاری از ژن‌ها مطرح است. در کاندیدا آلبیکنس مورفوژنز، فنوتایپ سوئیچینگ و متابولیسم سلولی توسط رپرسور Tup1 تنظیم می‌شود. متعاقباً تنظیم بیان بسیاری از ژن‌های اختصاصی هایف توسط دو مهارکننده Tup1 و Nrg1 انجام می‌گیرد و سلول‌هایی که هیچ کدام از دو تنظیم کننده را ندارند لزوماً به صورت سودو هایف طولانی رشد می‌کنند (۲۲). بیان ژن *NRG1* باعث مهار رشد هایفی در تمام شرایط رشد *in vitro* و همچنین کاهش قدرت ویروالانس در مدل عفونت سیستمیک می‌شود، بنابراین از بین بردن سرکوب کننده رونویسی، یعنی Nrg1، باید منجر به انتقال مرحله مخمری به هایف در کاندیدا شود (۲۳، ۲۴). در حقیقت Nrg1 روی پروموتورهای ژن‌های خاص هایفا برای سرکوب کردن بیان این دسته ژن‌ها در طی رشد مخمری قرار می‌گیرد. پس از القا هایف، Nrg1 به سرعت از پروموتورها جدا می‌شود و در طول رشد هایفی در سطح خیلی پایینی بیان می‌شود (تصویر شماره ۱). مقدار پروتئین Nrg1 در طی ۳۰ دقیقه اول پس از القاء رشد هایفی در ۳۷ درجه سانتی‌گراد به شدت کاهش می‌یابد که همزمان با تشکیل لوله‌های جرم تیوب و جدا شدن از پروموتور ژن‌های اختصاصی هایف می‌باشد (۲۵).

جالب است که بعد از یک ساعت از شروع رشد هایفی مقدار پروتئین Nrg1 جبران شده اما به صورت کاهش یافته باقی می‌ماند. ناپدید شدن موقتی Nrg1 برای القاء هایفا ضروری می‌باشد زیرا تغییر درجه حرارت تا ۳۷ درجه سانتی‌گراد و تلقیح مقدار کمی از سلول‌های از یک محیط کشت غنی به محیط تازه برای از بین بردن

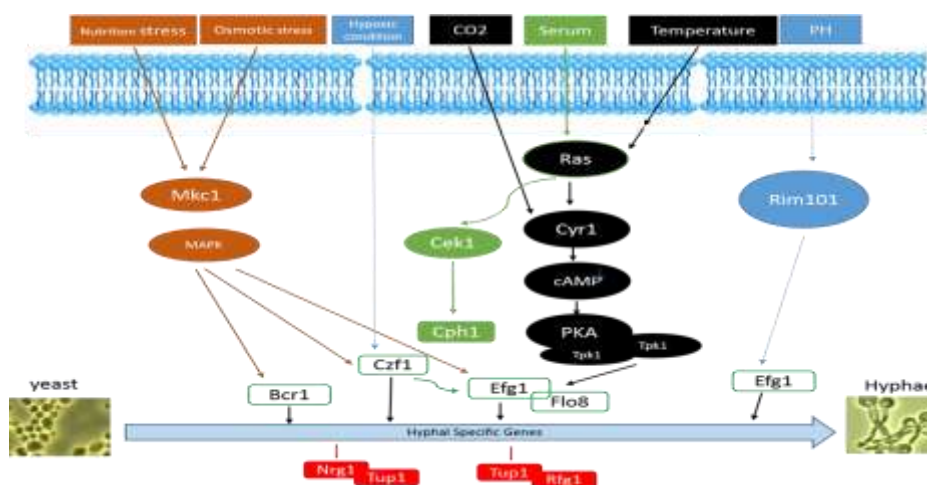
بر روی تغییر مورفولوژیکی در کاندیدا تاثیر گذار می‌باشند که شامل، محیط اسیدی یا بی‌هوایی، ترشح ایمونوگلوبولین A (SigA) در بزاق یا سرم، شرایط تغذیه ای، دمای محیط و یکسری فاکتورهای القایی مثل L پرولین و N استیل گلوکز آمین موجود در سرم، می‌باشند (۹، ۱۰). القای تولید هایف توسط تنظیم کننده‌های *HSG*، *UME6*، *HSG* و غیره انجام می‌شود. مطالعات انجام شده در مورد *UME6* نشان می‌دهد که سودوهایفال در حالت بینابینی سلول‌های مخمری و هایفا قرار دارد (۱۱). ژن‌هایی نظیر *HWP*، *ALS3*، *RBT5*، *HSG* پروتئین‌های دیواره سلولی را کد می‌کنند که نقش زیادی در چسبندگی به سلول میزبان و جذب آهن از میزبان را به عهده دارند (۱۵-۱۲). انتقال از فاز مخمری به هایفا توسط بسیاری از عوامل تغذیه‌ای و محیطی ایجاد می‌شود که شامل سرم، N استیل گلوکز آمین، pH خنثی، افزایش دما، کمبود اکسیژن، وجود CO₂، چسبندگی و کمبود مواد غذایی می‌باشند و تغییر فاز بین شکل مخمری و هایفال در کاندیدا آلبیکنس به عنوان یک فاکتور مهم در ویروالانس آن توسط بسیاری از مطالعات مورد تایید قرار گرفته است. اما عملکرد توکسین قارچی Ece1 می‌تواند به عنوان یک عامل کلیدی برای آسیب زدن به سلول‌های اپیتلیال به جای فرم هایفال کاندیدا آلبیکنس مطرح باشد، همان طور که موتانت‌های ژن *ECE1* باعث ایجاد هایف‌های یکسان از نظر مورفولوژیکی در مقایسه با تایپ وحشی ولی با همان ویژگی‌های تهاجمی می‌شود (۱۶). برخی از فاکتورهای تنظیمی رونویسی از جمله *Czf1*، *Tec1*، *Cph2* که در تغییر فنوتیپی کاندیدا آلبیکنس نقش حیاتی دارند شناسایی شده‌اند (۹، ۱۷). این فاکتورها در تنظیم ژن‌های اختصاصی هایفا شامل، *EDE1*، *HGC1*، *HWP1*، *ECE1*، *ALS3*، *RBT1* از دو مسیر اصلی نقش دارند. مسیر ادنیلات سیکلاز/پروتئین کیناز (cAMP/PKA) توسط تنظیم کننده Efg1 و مسیر MAPK (Mitogen-activated protein kinase) توسط تنظیم کننده‌های Nfg1، Cph1 و مسیر مهاری وابسته به

آلیکس برای تشکیل هایفا ضروری بوده و باعث تولید cAMP می‌شود و سپس پروتئین کیناز A را فعال می‌کند (۲۷). پروتئین PKA دارای دو زیر واحد کاتالیتیکی TPK1، TPK2 می‌باشد (۲۸، ۲۹). نیاز به CYR1 و TPK2 برای رشد هایفا در تمامی محیط‌ها مطابق با ضرورت آن برای کاهش رونویسی NRG1 در هنگام شروع هایفاست. در حقیقت عملکرد اصلی TPK2 در توسعه هایفا و کاهش تنظیمی NRG1 می‌باشد. به نظر می‌رسد عملکرد فاکتورهای رونویسی Efg1، Flo8 در توسعه فاز هایفا در قسمت پایین دست مسیر cAMP-PKA برای کاهش بیان NRG1 مورد نیاز است (۲۶). تصویر شماره ۲ مسیرهای درگیر در القای فاز هایفی را به صورت خلاصه نشان می‌دهد.

Nrg1 کافی است. دیگر شرایط القا هایف مانند سرم و گرسنگی برای ناپدید شدن Nrg1 در هنگام شروع هایفا ضروری است. بنابراین توسعه هایفال شامل ۲ مرحله حذف سریع Nrg1، مرحله اول برای شروع و مرحله دوم برای نگهداری، است. برای شروع نیاز به کاهش گذرا بیان ژن کدکننده پروتئین Nrg1 می‌باشد و در حالی که نگهداری رشد هایفی نیازمند تنظیم عدم اتصال Nrg1 به پروموتورهای ژن‌های خاص هایفا می‌باشد (۲۵). کاهش بیان ژن NRG1 وابسته به مسیر cAMP-PKA است زیرا ادنیلیل سیکلاز Cyr1 یا TPK (یک واحد کاتالیزوری PKA) برای کاهش بیان NRG1 در طول آغاز هایفا ضروری است (۲۶). Cyr1 در کاندیدا/



تصویر شماره ۱: ارتباط موقت بین آغاز و ادامه مرحله هایفا، ناپدید شدن موقتی Nrg1 در مرحله آغاز فرصت را برای رشد هایفا فراهم می‌کند. دایره سفید نشان‌دهنده فعال‌سازی پروتئین و دایره خاکستری نشان‌دهنده مهار است و نقطه چین نشان‌دهنده پروتئین تجزیه شده است. خطوط قرمز نشان‌دهنده ارتباط‌های تنظیمی است. خطوط خاکستری نشان‌دهنده ی مهار و خطوط مشکی نشان‌دهنده توسعه مراحل هایفی می‌باشد (۳۰).



تصویر شماره ۲: تنظیم ژن‌های اختصاصی هایف در کاندیدا آلیکس

۲-۲-ژن های ویژه هایف (Hypheal Specific Genes(HSG))

۲-۱-ژن *HGC1* (Hyphal G cyclin 1)

یک پروتئین در گیر در تنظیم رشد میسلالیال را کد گذاری می کند، بیان این پروتئین با رشد و گسترش هایف در ارتباط است (۳۱). *HGC1* فقط در فاز میسلالیال بیان شده و به عنوان ژنی تلقی می شود که بیانش وابسته به سیکل سلولی نمی باشد (۳۲). سطح بیان *HGC* با سیگنال القا شده توسط میسیلیوم تنظیم می شود. یعنی تا زمانی که شرایط مساعد باشد میسیلیوم می تواند به همان شکل وجود داشته باشد. تنظیم آن عمدتاً وابسته به مسیر AMP/ پروتئین کیناز Cyclic AMA/ A و توسط کانال های Tup1-Nrg1 مهار می شود. فاکتورهای رونویسی بیان این ژن شامل، *Flo8*، *Tec1*، *Efg1*، *CDC35* می باشد (۳۳،۳۴). *HGC1* به تازگی به عنوان عامل ضروری برای مورفوژن هایف شناخته شده است و توسط القا سیگنال هایف فعال می شود (۳۱). بدون *Hgc1* گسترش رشد هایفی متوقف می شود و این در حالی است که بیان ژن *EFG1* در فاز مخمری و هایفی تغییری ندارد و بیان ژن *HGC1* در فاز هایفی به شدت افزایش می یابد، به طوری که در فاز مخمری اصلاً بیان نمی شود. این پروتئین بیش تر در قسمت راس سلول یعنی جایی که جرم تیوب ایجاد می شود تجمع پیدا کرده و بدون وابستگی به سیکل سلولی تخریب و تجزیه می شود و تنظیم کننده *UME6* در تنظیم بیان این ژن نقش دارد (۳۲). جدول شماره ۱ به بیان تنظیم کننده های مهمترین ژن های دخیل در بیماریزایی کاندیدا آلبیکنس پرداخته است.

جدول شماره ۱: تنظیم کننده های مهمترین ژن های دخیل در بیماریزایی

کاندیدا آلبیکنس

| ژن | Positive regulators | Negative regulators | Signaling pathway | Function |
|------|---|---|-------------------|------------------|
| HGC | <i>Efg1</i> , <i>Cdc35</i> , <i>Tec</i> , <i>Flo8</i> | <i>Tup1</i> , <i>Nrg1</i> | cAMP/PKA | آغاز ایجاد هایف |
| UME6 | <i>Efg1</i> | <i>Tup1</i> , <i>Nrg1</i> | cAMP/PKA | طول شدن هایف |
| ALS3 | <i>Efg1</i> , <i>Tec1</i> , <i>Bcr1</i> , <i>Cph1</i> | <i>Nrg1</i> , <i>Tup1</i> , <i>Rfg1</i> | cAMP/PKA | طول شدن هایف |
| ECE1 | <i>Efg1</i> , <i>Cph1</i> , <i>Hog1</i> | <i>Rfg1</i> , <i>Nrg1</i> , <i>Tup1</i> | cAMP/PKA | طول شدن هایف |
| HWP1 | <i>Efg1</i> | <i>Nrg1</i> , <i>Tup1</i> | cAMP/PKA | طول شدن هایف |
| SAP | <i>Wor2</i> | <i>Tup1</i> | cAMP/PKA | تجزیه پروتئین ها |
| WOR1 | <i>Efg1</i> , <i>Czf1</i> , <i>Wor1</i> , <i>Wor3</i> | <i>Tup1</i> | cAMP/PKA | تغییر مورفولوژی |

۲-۲-۱-ژن *UME6*

یک تنظیم کننده خاص فیلامنتی جدید در گسترش فاز هایفال و افزایش ویرولانسی کاندیدا آلبیکنس می باشد و به عنوان یک تنظیم کننده برای بیان ژن *TUP1* نیز مطرح است که نقش تنظیمی خود را در ناحیه پایین دست *TUP1* اعمال می کند (۳۵). مطالعات نشان داده است که تحت شرایط خاص، نظیر رشد در حضور سرم، pH خنثی تا قلیایی، فقر غذایی و N استیل گلوکز آمین، استرین هایی از کاندیدا آلبیکنس که در *UME6* دچار جهش شده اند، فاز هایفی به طور کامل دچار نقص می باشند (۳۶). پس از القا هایف، بیان ژن *HGC* در عرض ۵ دقیقه افزایش می یابد در حالی که *UME6* تا ۱۵ دقیقه اول شناسایی نشده است (۳۵،۱۱). همچنین تنظیم منفی *UME6* بر عهده *Tup1*، *Nrg1* می باشد. *Ume6* و *Nrg1* با همکاری هم و ایجاد یک فیدبک منفی سطح و زمان بیان ژن های اختصاصی فیلامنتی را در پاسخ به شرایط القایی کنترل می کنند (۳۵).

۲-۲-۳-ژن *ALS3*

یکی از پروتئین های خانواده آگلوتینین، *Als3* می باشد که مختص هایف بوده و در فاز مخمری بیان نمی شود (۳۷). این پروتئین در بسیاری از فرایندهای داخل سلولی، مانند چسبندگی به سطوح اپیتلیال و اندوتلیال و پروتئین های ماتریکس، در تشکیل بیوفیلم دخالت دارد و همچنین یکی از عوامل مهاجم در کاندیدا آلبیکنس می باشد (۳۸). اگر چه موتانت های *ALS3* به طور معمول میسیلیوم تشکیل می دهند اما نقص های در تشکیل بیوفیلم نشان می دهند و از دیگر نقش های آن می توان به اتصال به رسپتورهای سلول میزبان مانند E- کادهرین و یا N- کادهرین که موجب القای آندوسیتوز و اتصال به فریتین سلول میزبان می شود، اشاره کرد (۳۹،۱۳). این ژن بر اساس تشابه ژنی با ژن *SAG1* قارچ ساکارومیسس سرویزیه که آلفا آگلوتینین را کد می کند کشف شد (۴۰). این خانواده

است. ژن *ECE1* ژنی است با نرخ بیان بالا در سلول که ارتباط مستقیمی با تولید هایف دارد. محصول ژن، پروتئین Ecp1p است که به ۸ پپتید مجزا منقسم شده به طوری که آمینو اسید ۹۲-۶۲ آن یک نوع توکسین قارچی به نام کانیدیدا لیزین را تولید می‌نماید. این توکسین فعالیت لیتیک برای سلول‌های اپی تلیال دارد (۴۶). *ECE1* یک ژن خاص هایف است که یک پروتئین غشایی وابسته به مسیر cAMP را کد می‌کند و مانند *HWP1* توسط Efg1 تنظیم می‌شود (۴۷). گسترش هایف در ارتباط مستقیم با بیان این ژن است اما در آغاز تبدیل فاز مخمری به هایفی نقشی ندارد. این پروتئین برای تشکیل اولیه میسلیوم حیاتی نمی‌باشد و در شکل دهی و عملکرد میسلیوم نقش کمی دارد اما در حفظ فاز هایفی نقش عمده‌ای را بازی می‌کند (جدول شماره ۱) (۴۸).

۲- خانواده ژنی *SAP*

خانواده ژنی *SAP* منحصر به گونه‌های بیماری‌زای کانیدیدا از جمله کانیدیدا آلیکنس، کانیدیدا دابلینیسیس، کانیدیدا تروپیکالیس و کانیدیدا پاراپسیلوزیس می‌باشد (۵۲-۴۹). تنها یک ایزوآنزیم Sap2، برای رشد سریع کانیدیدا آلیکنس در محیط حاوی پروتئین به عنوان تنها منبع نیتروژن کافی است (۵۲، ۵۳). در ابتدایی‌ترین سطح، یکی از نقش‌های آسپارتیک پروتئین‌های ترشحی کانیدیدا آلیکنس ممکن است هضم پروتئین‌های میزبان برای تامین نیتروژن مورد نیاز سلول‌ها باشد. از آنجایی که فعالیت Sap2، قارچ را قادر به رشد در محیط‌های حاوی آلومین سرم یا پروتئین‌های دیگر به عنوان منبع نیتروژن می‌سازد، بنابراین جذب و تأمین مواد مغذی، یکی از عملکردهای این پروتئین‌هاست. از مهم‌ترین عملکردهای آسپارتیک پروتئین‌های ترشحی، چسبیدن و تهاجم به بافت میزبان از طریق تخریب ساختارهای سطحی سلول و مواد بین سلولی یا تخریب سلول‌ها و مولکول‌های سیستم ایمنی میزبان می‌باشد. پروتئین‌های ماتریکس خارج سلولی و سطح میزبان مانند کراتین،

دارای ۱۱ عضو است (*ALS9-12*, *ALS1-ALS7*). بخش تنظیمی شامل دو ناحیه مهارکننده R1 و R2 و دو ناحیه فعال کننده A1 و A2 می‌باشد. پروتئین‌های مهارکننده *Rfg1* و *Nrg1*، *Tup1* و *Rfg1* رونویسی ژن *ALS3* را توسط اتصال به دو ناحیه مهارتی کاهش می‌دهند. دو فاکتور رونویسی *Efg1* و *Cph1* که در تشکیل هایف نقش دارند به دو ناحیه فعال کننده متصل شده و موجب افزایش رونویسی ژن می‌شوند. *Tec1* یک فاکتور رونویسی است که در تشکیل هایف نقش دارد و از طریق فاکتور *Bcr1* به صورت غیر مستقیم *ALS3* را فعال می‌کند (۴۱، ۴۲). در شرایط افزایش مواد غذایی *Tor1* از طریق مسیر پروتئین کیناز باعث القای بیان *Nrg1* و *Tup1* و کاهش بیان *Efg1* و *Bcr1* می‌شود که در نهایت موجب کاهش سطح *ALS3* می‌گردد (۴۳).

۴-۱- ژن *HWP1*

ژن *HWP1* دارای خاصیت آنتی‌ژنی است که یک مانوز پروتئین را کدگذاری می‌کند که برای رشد طبیعی میسلیوم ضروری است. *Hwp1* یک فاکتور چسبندگی مهم برای تنظیم تمایز است. موتانت‌های ژن *HWP* می‌توانند در مدل‌های موشی ایجاد عفونت کنند اما دارای ویرولانسی کم‌تر و زمان عملکرد کوتاه‌تر می‌باشند که در مدت زمان کوتاهی توسط سلول‌های فاگوسیت‌کننده جمع‌آوری و بلعیده می‌شوند (۴۴). بنابراین موتانت‌های این ژن نمی‌توانند به سلول‌های مخاطی به طور پایدار متصل شوند (۴۴). تشکیل بیوفیلم توسط کانیدیدا آلیکنس متکی به پروتئین *Hwp1* و *Als* است که مکمل یکدیگر در تشکیل بیوفیلم هستند و جهش در هر یک از این دو باعث تشکیل بیوفیلم ناقص می‌شود (۴۵).

۵-۱- ژن *ECE1*

محصول ژن *ECE1* (Extend of Cell Elongation) در تخریب سلولی و تولید سایتوتوکسین‌های ایمنی ذاتی در مدل کانیدیدایزیس از وفارنژیال موشی ضروری

مراحل انتهایی عفونت سیستمیک، *SAP2* نیز بیان می‌شود (۱۴). اگر چه شباهت کلی ژن‌های *SAP* بسیار بالاست، تفاوت در توالی پروموتور آن‌ها نشان می‌دهد که بیان ژن‌های مختلف *SAP* توسط تنظیم‌کننده‌های رونویسی خاص کنترل می‌شود.

۳- تغییر فنوتیپی

تبدیل به تیپ آمیزشی (*mating type*) مخالف و تغییر شکل از حالت مخمری به حالت رشته‌ای (هایف یا سودوهایف) نمونه‌هایی از تمایز سلول‌های مخمری می‌باشند. یکی از علل مهم این تمایزات، افزایش بقا و پاتوژنیسیته می‌باشد. کاندیدا/آلبیکنس نیز در این خصوص، مکانیسم ویژه‌ای تحت عنوان تغییر فنوتیپی به کار می‌گیرد. تغییر فنوتیپی به عنوان یک پدیده برگشت پذیر با تغییر مرفولوژی سلولی و کلنی به میزان بالا در مقایسه با جهش‌های سوماتیکی تعریف شده است (۶۱، ۶۲). این استراتژی مرموزانه به کاندیدا/آلبیکنس اجازه می‌دهد تا در برابر تغییرات شرایط محیطی از جمله بدن انسان که ممکن است در دما و pH نسبت به محیط قبلی تفاوت داشته باشد، سازگاری سریع یابد. توانایی رشد در اشکال مرفولوژیکی مختلف در حالت کومنسال و پاتوژن، امری حیاتی می‌باشد (۶۵-۶۳). تغییر حالت «سفید- اوپک» یک سیستم تغییر فنوتیپی شناخته شده در کاندیدا/آلبیکنس است (۶۶). از ویژگی‌های سلول‌های سفید و اوپک می‌توان به موارد زیر اشاره نمود:

- سلول‌های سفید گرد با کلنی‌های خمره‌ای شکل صاف هستند در حالی که سلول‌های اوپک لویبایی شکل با کلنی‌های مسطح کدر می‌باشند (۶۷، ۶۸).

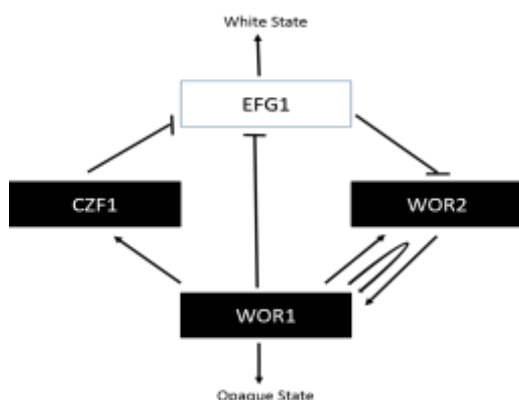
- تعامل سلول‌های سفید و اوپک با سیستم ایمنی متفاوت است. به عنوان مثال، سلول‌های سفید مواد جاذب برای لکوسیت‌ها ترشح می‌کنند در حالی که در سلول‌های اوپک این گونه نمی‌باشد، به علاوه تغییر فنوتیپی یک مکانیسم سازگاری می‌باشد تا سلول‌های کاندیدا/آلبیکنس از سیستم ایمنی فرار کنند (۶۷).

کلاژن، لامینین، فیبرونکتین و موسین توسط *Sap2* تخریب می‌شوند. برخی پروتئین‌های دفاعی میزبان از جمله لاکتوفرین بزاق، آلفا ماکروگلوبولین مهارکننده پروتیناز، آنزیم‌های انفجار تنفسی ماکروفاژها و تقریباً همه ایمونوگلوبولین‌ها مثل Iga ترشحی که معمولاً به پروتینازهای باکتریایی مقاوم هستند، توسط *Sap2* هیدرولیز می‌شوند. حضور ده ژن *SAP* نشان می‌دهد که پروتینازهای مختلفی می‌توانند در طول پروسه عفونت، انواع سلول‌های میزبان را هدف قرار دهند. اعضای مختلف خانواده *SAP* به‌طور متفاوتی تحت شرایط آزمایشگاهی و در طی عفونت‌های کاندیدا/آلبیکنس در بدن بیان می‌شوند (۵۴).

در شرایط آزمایشگاهی القاکننده پروتینازها، ژن *SAP2* می‌باشد که توسط یک مکانیسم خود تنظیمی مثبت تنظیم می‌گردد (۵۲). *SAP1* و *SAP3* در استرین‌های خاص طی تغییر فنوتیپی به شکل متفاوتی بیان می‌شوند (۵۵، ۵۶). تنظیم بیان *SAP8* به واسطه دما بوده، و *SAP9* و *SAP10* بیشتر در شرایط محیطی در هر دو فرم مخمری و هایفال بیان می‌شوند (۵۷). از آنجایی که بیشتر آسپارتیک پروتینازها تنها تحت شرایط اسیدی فعال می‌شوند، باید اشاره نمود که ژن‌های *SAP4-6* در pH خنثی حتی در محیط‌های پروتینی بیان می‌شوند (۵۲، ۵۳). این مطالعات نشان دادند که اعضای خانواده *SAP* در شرایط آزمایشگاهی به‌طور متفاوتی بیان می‌شوند و نیز بر خلاف *SAP2*، بیان دیگر ژن‌های این خانواده وابسته به پروتئین‌ها و پپتیدها نیست. شواهد آزمایشگاهی الگوهای متمایز بیان *SAP* ها در حالت مخمری و رشته‌ای نشان داد، بیان پروتینازها یک پروسه کاملاً کنترل شده و تنظیم شده است.

مدل‌های آزمایشگاهی از عفونت‌های دهانی، جلدی ناشی از کاندیدا/آلبیکنس، نشان دادند که *SAP1-3* پروتینازهای اصلی بیان شده طی عفونت‌های سطحی هستند و در مدل‌های عفونت منتشره کاندیدا/آلبیکنس، ژن‌های *SAP4-6* نقش دارند (۶۰-۵۸). با این وجود در

برابری رونویسی *WOR1* در سلول‌های اوپک نسبت به سلول‌های سفید می‌شود. پروموتور ژن *WOR1* به طور مستقیم توسط هتروداایمر a1-a2 سرکوب شده است که بیانگر ناتوانی تغییر سلول‌های a/a از حالت سفید به اوپک می‌باشد (۸۱). از دیگر تنظیم‌کننده‌های رونویسی در فرایند تغییر فنوتیپی، *WOR2*، *EFG1* و *CZF1*، *WOR3* می‌باشند (تصویر شماره ۳) (۷۸، ۷۷، ۸۳، ۸۴).



تصویر شماره ۳: مدل تغییر فنوتیپی سلول‌های سفید-اوپک در کاندیدا آلیکنس، باکس‌های سیاه نشان‌دهنده فاکتورهای هستند که در سلول‌های اوپک بیان می‌شوند و باکس سفید نمایانگر فاکتورهای مهم در سلول‌های سفید است (۶۹).

با توجه به این مدل، چرخه در حالت سفید غیر فعال بوده و به عنوان حالت پیش فرض در نظر گرفته می‌شود. تغییر حالت (switching) به هنگام برانگیخته شدن چرخه در اثر مجموعه‌ای از حلقه‌های خود تنظیمی مثبت اتفاق می‌افتد که می‌تواند برای چندین نسل به همین حالت باقی بماند. وراثت حالت اوپک ناشی از مولکول‌های تنظیم‌کننده می‌باشد که طی تقسیم سلولی به سلول‌های دختری منتقل می‌شود، غلظت این تنظیم‌کننده‌ها در سلول‌های دختری برای تهییج دوباره این چرخه و حفظ حالت اوپک کافی می‌باشد. فرآیند معکوس (تبدیل حالت اوپک به سفید) هنگامی رخ می‌دهد که تنظیم‌کننده‌ها به مقدار کم به سلول‌های دختری منتقل شده و چرخه خاموش گردد. در این چرخه، چندین عامل اصلاح‌کننده کروماتین وجود دارد که حضور آن‌ها نیز

سلول‌های اوپک در حساسیت نسبت به نوتروفیل‌ها و گونه‌های واکنش‌پذیر اکسیژن، چسبندگی به سلول‌های انسان و مواد پلاستیکی، ترشح پروتئین‌ها و مقاومت به ضد قارچ‌ها از سلول‌های سفید متفاوت هستند (۶۷).

یکی از جالب‌ترین تفاوت‌های بین سلول‌های سفید و اوپک، بیان ژن‌های متابولیسم گلوکز می‌باشد. سلول‌های سفید به طور خاص ژن‌هایی که در متابولیسم تخمیری نقش دارند را فعال کرده در حالی که سلول‌های اوپک، ژن‌های مسیر اکسیداتیو را بیان می‌کنند. این اختلاف در دو حالت هوازی و بی‌هوازی رخ می‌دهد (۶۷).

سلول‌های سفید و اوپک در پروفایل‌های بیان ژن و ویروالانس فاکتورها باهم تفاوت دارند (۶۹، ۷۰). سلول‌های اوپک در عفونت‌های جلدی و سلول‌های سفید در عفونت‌های سیستمیک برتری دارند (۷۰، ۷۱).

کنترل بیان ژن در سیستم تغییر فنوتیپی توسط ژن‌های خانواده *SAP* (*SAP1* و *SAP3*)، ژن تنظیمی لپید-گلوکز *WH11*، ژن پروتئین غشایی *OP4*، ژن *CaNIK1*، ژن *EFG1* و ژن ترانسپورتر *CDR3* انجام می‌گیرد (۵۲، ۵۵، ۵۶، ۷۸-۷۲). یکی از ویژگی‌های کلیدی سلول‌های سفید و اوپک، پایداری آن‌ها طی هزاران سال در شرایط آزمایشگاهی معمول است که بر اساس تقسیم سلولی، سلول‌های سفید همیشه به سلول‌های سفید و سلول‌های اوپک همیشه به سلول‌های اوپک تبدیل می‌شوند. این رفتار در نتیجه توپولوژی چرخه رونویسی آن‌ها پیش‌بینی می‌شود (۷۹). در هسته این چرخه، یک پروتئین به نام *Wor1* است که اولین تنظیم‌کننده عمده حالت اوپک می‌باشد (۸۲-۸۰). برای تبدیل حالت سفید به اوپک، بیان ژن *WOR1* مورد نیاز است، در صورتی که بیان نابجای این پروتئین می‌تواند کل جمعیت سلول‌های سفید را به حالت اوپک تغییر دهد. بیان *WOR1*، یک حلقه خود تنظیمی مثبت به واسطه اتصال پروموتور خود و شروع بیان خود ایجاد می‌کند (۸۲-۸۰). فعال شدن این حلقه خود تنظیمی باعث افزایش ۴۰

بر تغییر حالت (switching) تاثیر می‌گذارد. برای مثال، حذف هیستون داستیلاز *HDA1* تغییر حالت از سفید به اوپک را کمی افزایش می‌دهد در حالی که حذف هیستون داستیلاز دیگری به نام *RPD3*، تغییر حالت در هر دو مسیر را افزایش می‌دهد (۸۵). به تازگی مشخص شده است که استیل ترانسفراز *NAT4*، هیستون داستیلاز *HST2*، *SET3* و *HOS2* در این چرخه، نقش تنظیمی دارند. حذف هر یک از این ژن‌ها موجب کاهش میزان تغییر حالت سفید به اوپک شده و همگی این ژن‌ها به جز *HST2*، میزان تغییر حالت از اوپک به سفید را افزایش می‌دهند (۸۳). با این حال، هنوز به طور دقیق میزان نقش عوامل بازسازی کروماتین در تغییر فنوتیپی معلوم نیست.

بحث

انتقال فاز مخمیری به رشته‌ای در کاندیدا به تعدادی از ویژگی‌های مهم برای تعامل با میزبان در ارتباط است که از جمله آن‌ها می‌توان به چسبندگی به سلول‌های اپیتلیال و اندوتلیال، تهاجم اولیه و بین سلولی از طریق اندوسیتوز القا شده، نفوذ فعال، فرار از فاگوسیت‌ها و فرار از سیستم ایمنی میزبان اشاره نمود. در حال حاضر اطلاعات زیادی در خصوص تغییر فنوتیپی، مورفولوژی و سایر فاکتورهای بیماری‌زایی کاندیدا آلبیکنس از جمله حضور احتمالی فاکتورهای رونویسی کشف نشده، مکانیسم دقیق عملکرد آن‌ها و جزئیات مسیرهای سیگنالینگ داخل سلولی، مبهم باقی مانده است که نیازمند انجام مطالعات بیش‌تر در آینده می‌باشد. یافته‌های اخیر، اطلاعاتی در مورد بررسی مکانیسم‌های مولکولی برای پلی‌مورفیسم در کاندیدا آلبیکنس را ارائه می‌دهند، اما متأسفانه علی‌رغم پیشرفت‌های اخیر اطلاعات در مورد زمان‌بندی پلی‌مورفیسم کاندیدا در میزبان محدود است. طبق مطالعات اخیر، ژن *ERG3* و *ERG11* علاوه بر نقش اصلی خود در سنتز ارگوسترول، که به عنوان یک فاکتور ویرولانسی در مدل‌های موشی مورد بررسی قرار گرفته است، به نظر می‌رسد این ژن

برای ایجاد عفونت کاندیدیازیس ازوفارنژیال در مدل موشی ضروری است. همان‌طور که در موتانت‌های این دو ژن شاهد کاهش بیان ژن‌های *ALS1*، *HWP1* و *SAP6* هستیم، این دو ژن به همراه ژن *ECE1* به عنوان ژن‌های (missing-link) در تخریب سلولی و تولید هایف مطرح هستند. ژن‌هایی که حذف آن‌ها باعث عدم تخریب سلول‌های اپیتلیال در فقدان تولید هایف می‌شود. بنابراین (missing link genes) احتمالاً شامل ژن‌ها یا مسیرهایی مرتبط با ویرولانسی و سیستم ایمنی می‌شوند که می‌توانند به عنوان اهداف جدید دارویی مورد بررسی قرار گیرند (۱۶).

درک صحیح عملکرد ژن‌های دخیل در شکل‌گیری یا مهار یک فاکتور بیماری‌زا می‌تواند به عنوان یک رویکرد جدید در ممانعت از کلونیزاسیون و عفونت کاندیدیایی و همچنین طراحی داروهای جدید ضد کاندیدیایی مورد استفاده قرار گیرد. مطالعات آینده برای تعیین مورفولوژی‌های کاندیدا در طول کلونیزاسیون و عفونت، ضروری می‌باشد. همچنین مطالعات بیش‌تر برای ادغام مسیرهای سیگنالینگ جدید با مسیرهای تازه شناخته شده که *NRG1* را برای کنترل پلی‌مورفیسم به کار می‌گیرد، باید مورد توجه قرار گیرد. علاوه بر ژن‌های ذکر شده در کاندیدا آلبیکنس، ژن‌های دیگری نیز وجود دارند که در مسیرهای تنظیم فاکتورهای بیماری‌زایی سهم هستند که به طور خلاصه به برخی از آن‌ها اشاره می‌شود: ژن *TOP1* که در تکثیر DNA به عنوان توپومراز نقش ایفا می‌کند، *RBT4* مسئول کد کردن یک پروتئین ترشحی می‌باشد و مشابه پروتئین‌های مرتبط با پاتوژنز در گیاهان، عفونت قارچی را القا می‌کند، *TUP1* در رونویسی و در تشکیل هایفال نقش مهمی دارد، *WH11* که یک ژن اختصاصی فاز وایت و مسئول کد کردن یک شبه پروتئین شوک حرارتی می‌باشد و در نتیجه بیان نابجا در فاز اوپک سبب کاهش ویرولانسی می‌شود، *CEK1* در تشکیل هایفال از طریق مسیر MAP کیناز نقش دارد، *CPH1* به عنوان فاکتور

مطالعات بیش تری در زمینه ژنتیک و ویروالانس کاندیدا/ آلبیکنس صورت گرفته ولی همچنان نیاز به مطالعات بیش تر جهت شناسایی بیش تر ژن‌ها، عملکرد آن‌ها و درک بهتر از ویروالانس کاندیدا آلبیکنس وجود دارد.

رونویسی و همچنین در تشکیل هایفال نقش ایفا می‌کند و *INT1* از خانواده اینتگرین‌ها می‌باشد که در چسبندگی نقش دارد و باعث کاهش چسبندگی در سلول‌های اپیتلیال می‌شود، می‌باشد (۸۶-۹۱). علی‌رغم این که اخیراً

References

- Fidel PL, Vazquez JA, Sobel JD. *Candida glabrata*: review of epidemiology, pathogenesis, and clinical disease with comparison to *C. albicans*. *Clin Microbiol Rev* 1999; 12(1): 80-96.
- Sobel JD. Epidemiology and pathogenesis of recurrent vulvovaginal candidiasis. *Am J Obstet Gynecol* 1985; 152(7): 924-935.
- Yazdanparast SA, Khodavaisy S, Fakhim H, Shokohi T, Haghani I, Nabili M, et al. Molecular Characterization of Highly Susceptible *Candida africana* from Vulvovaginal Candidiasis. *Mycopathologia* 2015; 180(5-6): 317-323.
- Rezai MS, Vaezi A, Fakhim H, Soleimani A, Mohammad Jafari H, Mohseni S, et al. Successful treatment with caspofungin of candiduria in a child with Wilms tumor; review of literature. *J Mycol Med* 2017; 27(2): 261-265.
- Fesharaki SH, Haghani I, Mousavi B, Kargar ML, Boroumand M, Anvari MS, et al. Endocarditis due to a co-infection of *Candida albicans* and *Candida tropicalis* in a drug abuser. *J Med Microbiol* 2013; 62(Pt 11): 1763-1767.
- Odds F. *Candida* species and virulence. *ASM News* 1994; 60: 313-318.
- Calderone RA, Braun PC. Adherence and receptor relationships of *Candida albicans*. *Microbiol Rev* 1991; 55(1): 1-20.
- McKenzie C, Koser U, Lewis L, Bain J, Mora-Montes H, Barker R, et al. Contribution of *Candida albicans* cell wall components to recognition by and escape from murine macrophages. *Infect Immun* 2010; 78(4): 1650-1658.
- Fan Y, He H, Dong Y, Pan H. Hyphae-specific genes *HGC1*, *ALS3*, *HWP1*, and *ECE1* and relevant signaling pathways in *Candida albicans*. *Mycopathologia* 2013; 176(5-6): 329-335.
- Biswas S, Van Dijck P, Datta A. Environmental sensing and signal transduction pathways regulating morphopathogenic determinants of *Candida albicans*. *Microbiol Mol Biol Rev* 2007; 71(2): 348-376.
- Carlisle PL, Banerjee M, Lazzell A, Monteagudo C, López-Ribot JL, Kadosh D. Expression levels of a filament-specific transcriptional regulator are sufficient to determine *Candida albicans* morphology and virulence. *Proc Natl Acad Sci U S A* 2009; 106(2): 599-604.
- Almeida RS, Brunke S, Albrecht A, Thewes S, Laue M, Edwards Jr JE, et al. The hyphal-associated adhesin and invasin *Als3* of *Candida albicans* mediates iron acquisition from host ferritin. *PLoS Pathogens* 2008; 4(11): e1000217.
- Phan QT, Myers CL, Fu Y, Sheppard DC, Yeaman MR, Welch WH, et al. *Als3* is a *Candida albicans* invasin that binds to cadherins and induces endocytosis by host cells. *PLoS Biol* 2007; 5(3): e64.
- Staib P, Kretschmar M, Nichterlein T, Köhler G, Michel S, Hof H, et al. Host induced,

- stage specific virulence gene activation in *Candida albicans* during infection. *Mol Microbiol* 1999; 32(3): 533-546.
15. Weissman Z, Kornitzer D. A family of *Candida* cell surface haem binding proteins involved in haemin and haemoglobin iron utilization. *Mol Microbiol* 2004; 53(4): 1209-1220.
 16. Zhou Y, Liao M, Zhu C, Hu Y, Tong T, Peng X, et al. ERG3 and ERG11 genes are critical for the pathogenesis of *Candida albicans* during the oral mucosal infection. *International Journal of Oral Science* 2018; 10(2): 9.
 17. Brown Jr DH, Giusani AD, Chen X, Kumamoto CA. Filamentous growth of *Candida albicans* in response to physical environmental cues and its regulation by the unique CZF1 gene. *Mol Microbiol* 1999; 34(4): 651-662.
 18. Braun BR, Johnson AD. Control of filament formation in *Candida albicans* by the transcriptional repressor TUP1. *Science* 1997; 277(5322): 105-109.
 19. Braun BR, Kadosh D, Johnson AD. NRG1, a repressor of filamentous growth in *C. albicans*, is down regulated during filament induction. *EMBO* 2001; 20(17): 4753-4761.
 20. Kadosh D, Johnson AD. Induction of the *Candida albicans* filamentous growth program by relief of transcriptional repression: a genome-wide analysis. *Mol Biol Cell* 2005; 16(6): 2903-2912.
 21. Murad AMA, Leng P, Straffon M, Wishart J, Macaskill S, MacCallum D, et al. NRG1 represses yeast-hypha morphogenesis and hypha specific gene expression in *Candida albicans*. *EMBO* 2001; 20(17): 4742-4752.
 22. Garcia-Sanchez S, Mavor AL, Russell CL, Argimon S, Dennison P, Enjalbert B, et al. Global roles of Ssn6 in Tup1- and Nrg1-dependent gene regulation in the fungal pathogen, *Candida albicans*. *Mol Biol Cell* 2005; 16(6): 2913-2925.
 23. Park YN, Morschhäuser J. Tetracycline-inducible gene expression and gene deletion in *Candida albicans*. *Eukaryot Cell* 2005; 4(8): 1328-1342.
 24. Saville SP, Lazzell AL, Bryant AP, Fretzen A, Monreal A, Solberg EO, et al. Inhibition of filamentation can be used to treat disseminated candidiasis. *Antimicrob Agents Chemother* 2006; 50(10): 3312-3316.
 25. Lu Y, Su C, Wang A, Liu H. Hyphal development in *Candida albicans* requires two temporally linked changes in promoter chromatin for initiation and maintenance. *PLoS Biol* 2011; 9(7): e1001105.
 26. Lu Y, Su C, Unojé O, Liu H. Quorum sensing controls hyphal initiation in *Candida albicans* through Ubr1-mediated protein degradation. *Proc Natl Acad Sci U S A* 2014; 111(5): 1975-1980.
 27. Hogan DA, Sundstrom P. The Ras/cAMP/PKA signaling pathway and virulence in *Candida albicans*. *Future Microbiol* 2009; 4(10): 1263-1270.
 28. Bockmühl DP, Krishnamurthy S, Gerads M, Sonneborn A, Ernst JF. Distinct and redundant roles of the two protein kinase A isoforms Tpk1p and Tpk2p in morphogenesis and growth of *Candida albicans*. *Mol Microbiol* 2001; 42(5): 1243-1257.
 29. Cloutier M, Castilla Ro, Bolduc N, Zelada A, Martineau P, Bouillon M, et al. The two isoforms of the cAMP-dependent protein kinase catalytic subunit are involved in the control of dimorphism in the human fungal pathogen *Candida albicans*. *Fungal Genet Biol* 2003; 38(1): 133-141.

30. Lu Y, Su C, Liu H. *Candida albicans* hyphal initiation and elongation. *Trends Microbiol* 2014; 22(12): 707-714.
31. Zheng X, Wang Y, Wang Y. Hgc1, a novel hypha specific G1 cyclin related protein regulates *Candida albicans* hyphal morphogenesis. *EMBO* 2004; 23(8): 1845-1856.
32. Wang A, Lane S, Tian Z, Sharon A, Hazan I, Liu H. Temporal and spatial control of HGC1 expression results in Hgc1 localization to the apical cells of hyphae in *Candida albicans*. *Eukaryot Cell* 2007; 6(2): 253-261.
33. Bassilana M, Hopkins J, Arkowitz RA. Regulation of the Cdc42/Cdc24 GTPase module during *Candida albicans* hyphal growth. *Eukaryot Cell* 2005; 4(3): 588-603.
34. Cao F, Lane S, Raniga PP, Lu Y, Zhou Z, Ramon K, et al. The Flo8 transcription factor is essential for hyphal development and virulence in *Candida albicans*. *Mol Biol Cell* 2006; 17(1): 295-307.
35. Carlisle PL, Kadosh D. *Candida albicans* Ume6, a filament-specific transcriptional regulator, directs hyphal growth via a pathway involving Hgc1 cyclin-related protein. *Eukaryot Cell* 2010; 9(9): 1320-1328.
36. Zeidler U, Lettner T, Lassnig C, Müller M, Lajko R, Hintner H, et al. UME6 is a crucial downstream target of other transcriptional regulators of true hyphal development in *Candida albicans*. *FEMS Yeast Res* 2009; 9(1): 126-142.
37. Klotz SA, Gaur NK, De Armond R, Sheppard D, Khardori N, Edwards Jr JE, et al. *Candida albicans* Als proteins mediate aggregation with bacteria and yeasts. *Med Mycol* 2007; 45(4): 363-370.
38. Hoyer L, Payne T, Hecht J. Identification of *Candida albicans* ALS2 and ALS4 and Localization of Als Proteins to the Fungal Cell Surface. *J Bacteriol* 1998; 180(20): 5334-5343.
39. Cleary IA, Reinhard SM, Miller CL, Murdoch C, Thornhill MH, Lazzell AL, et al. *Candida albicans* adhesin Als3p is dispensable for virulence in the mouse model of disseminated candidiasis. *Microbiology* 2011; 157(6): 1806-1815.
40. Hoyer L, Scherer S, Shatzman A, Livi G. *Candida albicans* ALS1: domains related to a *Saccharomyces cerevisiae* sexual agglutinin separated by a repeating motif. *Mol Microbiol* 1995; 15(1): 39-54.
41. Argimón S, Wishart JA, Leng R, Macaskill S, Mavor A, Alexandris T, et al. Developmental regulation of an adhesin gene during cellular morphogenesis in the fungal pathogen *Candida albicans*. *Eukaryot Cell* 2007; 6(4): 682-692.
42. Nobile CJ, Mitchell AP. Regulation of cell-surface genes and biofilm formation by the *C. albicans* transcription factor Bcr1p. *Curr Biol* 2005; 15(12): 1150-1155.
43. Bastidas RJ, Heitman J, Cardenas ME. The protein kinase Tor1 regulates adhesin gene expression in *Candida albicans*. *PLoS Pathog* 2009; 5(2): e1000294.
44. Tsuchimori N, Sharkey LL, Fonzi WA, French SW, Edwards JE, Filler SG. Reduced virulence of HWP1-deficient mutants of *Candida albicans* and their interactions with host cells. *Infect Immun* 2000; 68(4): 1997-2002.
45. Monroy Pérez E, Sáinz Espuñes T, Paniagua Contreras G, Negrete Abascal E, Rodríguez Moctezuma JR, Vaca S. Frequency and expression of ALS and HWP1 genotypes in *Candida albicans* strains isolated from Mexican patients suffering from vaginal candidosis. *Mycoses* 2012; 55(3): e151-e157.

46. Richardson JP, Willems HME, Moyes DL, Shoaie S, Barker KS, Tan SL, et al. Candidalysin Drives Epithelial Signaling, Neutrophil Recruitment, and Immunopathology at the Vaginal Mucosa. *Infect Immun* 2018; 86(2): e00645-00617
47. Miwa T, Takagi Y, Shinozaki M, Yun C-W, Schell WA, Perfect JR, et al. Gpr1, a putative G-protein-coupled receptor, regulates morphogenesis and hypha formation in the pathogenic fungus *Candida albicans*. *Eukaryot Cell* 2004; 3(4): 919-931.
48. Birse C, Irwin M, Fonzi W, Sypherd P. Cloning and characterization of ECE1, a gene expressed in association with cell elongation of the dimorphic pathogen *Candida albicans*. *Infect Immun* 1993; 61(9): 3648-3655.
49. Magee BB, Hube B, Wright RJ, Sullivan P, Magee P. The genes encoding the secreted aspartyl proteinases of *Candida albicans* constitute a family with at least three members. *Infect Immun* 1993; 61(8): 3240-3243.
50. Gilfillan GD, Sullivan DJ, Haynes K, Parkinson T, Coleman DC, Gow NA. *Candida dubliniensis*: phylogeny and putative virulence factors. *Microbiology* 1998; 144(4): 829-838.
51. Zaugg C, Borg-von Zepelin M, Reichard U, Sanglard D, Monod M. Secreted Aspartic Proteinase Family of *Candida tropicalis*. *Infect Immun* 2001; 69(1): 405-412.
52. Hube B, Monod M, Schofield D, Brown A, Gow N. Expression of seven members of the gene family encoding secretory aspartyl proteinases in *Candida albicans*. *Mol Microbiol* 1994; 14(1): 87-99.
53. White TC, Agabian N. *Candida albicans* secreted aspartyl proteinases: isoenzyme pattern is determined by cell type, and levels are determined by environmental factors. *J Bacteriol* 1995; 177(18): 5215-5221.
54. Hube B. Extracellular proteinases of human pathogenic fungi. Dimorphism in Human Pathogenic and Apathogenic Yeasts. Switzerland, Karger Publishers; 2000.
55. Morrow B, Srikantha T, Soll DR. Transcription of the gene for a pepsinogen, PEP1, is regulated by white-opaque switching in *Candida albicans*. *Mol Cell Biol* 1992; 12(7): 2997-3005.
56. White TC, Miyasaki SH, Agabian N. Three distinct secreted aspartyl proteinases in *Candida albicans*. *J Bacteriol* 1993; 175(19): 6126-6133.
57. Monod M, Hube B, Hess D, Sanglard D. Differential regulation of SAP8 and SAPS, which encode two new members of the secreted aspartic proteinase family in *Candida albicans*. *Microbiology* 1998; 144(10): 2731-2737.
58. Schaller M, Schäfer W, Korting HC, Hube B. Differential expression of secreted aspartyl proteinases in a model of human oral candidosis and in patient samples from the oral cavity. *Mol Microbiol* 1998; 29(2): 605-615.
59. Schaller M, Schackert C, Korting HC, Januschke E, Hube B. Invasion of *Candida albicans* correlates with expression of secreted aspartic proteinases during experimental infection of human epidermis. *J Invest Dermatol* 2000; 114(4): 712-717.
60. Staib P, Kretschmar M, Nichterlein T, Hof H, Morschhäuser J. Differential activation of a *Candida albicans* virulence gene family during infection. *Proc Natl Acad Sci U S A* 2000; 97(11): 6102-6107.
61. Soll DR, Morrow B, Srikantha T. High-frequency phenotypic switching in *Candida albicans*. *Trends Genet* 1993; 9(2): 61-65.
62. Xie J, Tao L, Nobile CJ, Tong Y, Guan G, Sun Y, et al. White-opaque switching in

- natural MTL α isolates of *Candida albicans*: evolutionary implications for roles in host adaptation, pathogenesis, and sex. *PLoS Biol* 2013; 11(3):e1001525.
63. Pande K, Chen C, Noble SM. Passage through the mammalian gut triggers a phenotypic switch that promotes *Candida albicans* commensalism. *Nat Genet* 2013; 45(9): 1088-1091
 64. Tao L, Du H, Guan G, Dai Y, Nobile CJ, Liang W, et al. Discovery of a "white-gray-opaque" tristable phenotypic switching system in *Candida albicans*: roles of non-genetic diversity in host adaptation. *PLoS Biol* 2014; 12(4): e1001830.
 65. Whiteway M, Bachewich C. Morphogenesis in *Candida albicans*. *Annu Rev Microbiol* 2007; 61: 529-553.
 66. Slutsky B, Staebell M, Anderson J, Risen L, Pfaller Mt, Soll D. "White-opaque transition": a second high-frequency switching system in *Candida albicans*. *J Bacteriol* 1987; 169(1): 189-197.
 67. Alby K, Bennett RJ. Stress-induced phenotypic switching in *Candida albicans*. *Mol Biol Cell* 2009; 20(14): 3178-3191.
 68. Anderson JM, Soll DR. Unique phenotype of opaque cells in the white-opaque transition of *Candida albicans*. *J Bacteriol* 1987; 169(12): 5579-5588.
 69. Miller MG, Johnson AD. White-opaque switching in *Candida albicans* is controlled by mating-type locus homeodomain proteins and allows efficient mating. *Cell* 2002; 110(3): 293-302.
 70. Soll DR. Why does *Candida albicans* switch? *FEMS Yeast Research* 2009; 9(7): 973-989.
 71. Bennett R, Johnson A. Mating in *Candida albicans* and the search for a sexual cycle. *Annu Rev Microbiol* 2005; 59: 233-255.
 72. Morrow B, Ramsey H, Soll D. Regulation of phase-specific genes in the more general switching system of *Candida albicans* strain 3153A. *J Med Vet Mycol* 1994; 32(4): 287-294.
 73. Morrow B, Srikantha T, Anderson J, Soll DR. Coordinate regulation of two opaque-phase-specific genes during white-opaque switching in *Candida albicans*. *Infect Immun* 1993; 61(5): 1823-1828.
 74. Kvaal CA, Srikantha T, Soll DR. Misexpression of the white-phase-specific gene WH11 in the opaque phase of *Candida albicans* affects switching and virulence. *Infect Immun* 1997; 65(11): 4468-4475.
 75. Srikantha T, Soll D. A white-specific gene in the white-opaque switching system of *Candida albicans*. *Gene* 1993; 131(1): 53-60.
 76. Srikantha T, Tsai L, Daniels K, Enger L, Highley K, Soll DR. The two-component hybrid kinase regulator CaNIK1 of *Candida albicans*. *Microbiology* 1998; 144(10): 2715-2729.
 77. Sonneborn A, Tebarth B, Ernst JF. Control of White-Opaque Phenotypic Switching in *Candida albicans* by the Efg1p Morphogenetic Regulator. *Infect Immun* 1999; 67(9): 4655-4660.
 78. Srikantha T, Tsai LK, Daniels K, Soll DR. EFG1 Null Mutants of *Candida albicans* Switch but Cannot Express the Complete Phenotype of White-Phase Budding Cells. *J Bacteriol* 2000; 182(6): 1580-1591
 79. Zordan RE, Miller MG, Galgoczy DJ, Tuch BB, Johnson AD. Interlocking transcriptional feedback loops control white-opaque switching in *Candida albicans*. *PLoS Biol* 2007; 5(10): e256.
 80. Huang G, Wang H, Chou S, Nie X, Chen J, Liu H. Bistable expression of WOR1, a

- master regulator of white–opaque switching in *Candida albicans*. *Proc Natl Acad Sci U S A* 2006; 103(34): 12813-12818.
81. Srikantha T, Borneman AR, Daniels KJ, Pujol C, Wu W, Seringhaus MR, et al. TOS9 regulates white-opaque switching in *Candida albicans*. *Eukaryot Cell* 2006; 5(10): 1674-1687.
82. Zordan RE, Galgoczy DJ, Johnson AD. Epigenetic properties of white–opaque switching in *Candida albicans* are based on a self-sustaining transcriptional feedback loop. *Proc Natl Acad Sci U S A* 2006; 103(34): 12807-12812.
83. Hnisz D, Schwarzmüller T, Kuchler K. Transcriptional loops meet chromatin: a dual layer network controls white–opaque switching in *Candida albicans*. *Mol Microbiol* 2009; 74(1): 1-15.
84. Vices MD, Kumamoto CA. The morphogenetic regulator Czf1p is a DNA-binding protein that regulates white–opaque switching in *Candida albicans*. *Microbiology* 2007; 153(9): 2877-2884.
85. Srikantha T, Tsai L, Daniels K, Klar A, Soll D. The Histone Deacetylase Genes HDA1 and RPD3 Play Distinct Roles in Regulation of High-Frequency Phenotypic Switching in *Candida albicans*. *J Bacteriol* 2001; 183(15): 4614-4625.
86. Jiang W, Gerhold D, Kmiec EB, Hauser M, Becker JM, Koltin Y. The topoisomerase I gene from *Candida albicans*. *Microbiology* 1997; 143(Pt 2): 377-386.
87. Braun BR, Head WS, Wang MX, Johnson AD. Identification and characterization of TUP1-regulated genes in *Candida albicans*. *Genetics* 2000; 156(1): 31-44.
88. Kvaal CA, Srikantha T, Soll DR. Misexpression of the white-phase-specific gene WH11 in the opaque phase of *Candida albicans* affects switching and virulence. *Infect Immun* 1997; 65(11): 4468-4475.
89. Csank C, Schroppel K, Leberer E, Marcus D, Mohamed O, Meloche S, et al. Roles of the *Candida albicans* mitogen-activated protein kinase homolog, Cek1p, in hyphal development and systemic candidiasis. *Infect Immun* 1998; 66(6): 2713-2721.
90. Lo HJ, Kohler JR, DiDomenico B, Loebenberg D, Cacciapuoti A, Fink GR. Nonfilamentous *C. albicans* mutants are avirulent. *Cell* 1997; 90(5): 939-949.
91. Gale CA, Bendel CM, McClellan M, Hauser M, Becker JM, Berman J, et al. Linkage of adhesion, filamentous growth, and virulence in *Candida albicans* to a single gene, INT1. *Science* 1998; 279(5355): 1355-1358.