

<https://doi.org/10.31533/pubvet.v19n05e1780>

Micobiota leveduriforme oral de cães: Identificação fenotípica e proteômica

Mário Mendes Bonci^{1*}, Regina Teixeira Barbieri Ramos², Gabriel Silva Navarro², Clara de Almeida Mendes¹, Debora Moreira³, Thainá Aparecida Pereira Moura Cerqueira⁴, Sergio Gaspar de Campos¹, Águida Aparecida de Oliveira¹, Francisco de Assis Baroni¹, Claudete Rodrigues Paula²

¹Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Dpto. de Microbiologia e Imunologia Veterinária, Seropédica-RJ, Brasil

²Universidade de São Paulo, Departamento de Estomatologia, São Paulo, São Paulo, Brasil

³Universidade São Judas Tadeu, São Paulo, São Paulo, Brasil.

⁴Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Hospital Veterinário, Seropédica, Rio de Janeiro, Brasil.

*Autor para correspondência, e-mail: mariobonci@hotmail.com

Resumo. A interação crescente entre humanos e animais facilita a transmissão de microrganismos, tornando o estudo da micobiota oral de cães cada vez mais relevante, especialmente devido ao desenvolvimento de doenças causadas por fungos como *Candida auris*, *Malassezia pachydermatis* e *Cryptococcus* spp. que exigem métodos eficazes para diagnóstico. Embora a identificação fenotípica seja amplamente utilizada, apresenta limitações que podem ser superadas por tecnologias avançadas, como a técnica proteômica MALDI-TOF. Diante disso, o objetivo deste estudo foi isolar fungos leveduriformes da cavidade oral de cães, realizar a identificação fenotípica e proteômica dos isolados e comparar a eficácia dessas metodologias. Para isso, amostras foram coletadas de 38 cães em clínicas veterinárias de Seropédica e Itaguaí (RJ), além do Hospital Veterinário da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, resultando em 46 isolados de leveduras. As amostras foram semeadas em ágar Sabouraud com cloranfenicol, e os isolados identificados por meio de testes macromorfológicos, micromorfológicos, bioquímicos, provas de assimilação e fermentação de açúcares e por identificação proteômica através de equipamento MALDI-TOF. Dos 37 isolados comparados, 11 apresentaram correspondência positiva na identificação das espécies entre os métodos fenotípico e proteômico. Em casos como *Geotrichum* spp. e *Rhodotorula* spp., a identificação proteômica mostrou-se menos eficiente, reforçando a escolha do método fenotípico como mais adequado para classificar os isolados. Essa preferência se confirma também para leveduras predominantes como *Candida* spp. e *Malassezia* spp., demonstrando o método fenotípico como uma ferramenta confiável para a caracterização da micobiota oral de cães, dada a prevalência desses gêneros na população de microrganismos cultiváveis. Das 37 leveduras testadas proteomicamente, 27 foram identificadas como pertencentes ao gênero *Candida*, sendo 21 confirmadas pela identificação fenotípica, destacando o potencial auxílio da técnica proteômica na identificação desses microrganismos. Embora a técnica proteômica seja rápida, ainda necessita de aprimoramentos para a identificação de leveduras não pertencentes ao gênero *Candida*, sendo útil como complemento ao diagnóstico. Por outro lado, a identificação fenotípica mostrou-se eficaz e confiável para caracterizar as leveduras da cavidade oral dos cães.

Palavras-chave: Boca, diagnóstico, estomatologia, fungos, mordida

Oral mycobiota of dogs: Phenotypic and proteomic identification

Abstract. The increasing interaction between humans and animals facilitates the transmission of microorganisms, making the study of the oral mycobiota of dogs

increasingly relevant, especially due to the development of diseases caused by fungi such as *Candida auris*, *Malassezia pachydermatis*, and *Cryptococcus* spp., which require effective diagnostic methods. Although phenotypic identification is widely used, it has limitations that can be overcome by advanced technologies such as the proteomic MALDI-TOF technique. In this context, the objective of this study was to isolate yeast-like fungi from the oral cavity of dogs, perform phenotypic and proteomic identification of the isolates, and compare the effectiveness of these methodologies. For this purpose, samples were collected from 38 dogs in veterinary clinics in Seropédica and Itaguaí (RJ), as well as at the Veterinary Hospital of the Federal Rural University of Rio de Janeiro, Brazil, resulting in 46 yeast isolates. The samples were plated on Sabouraud agar with chloramphenicol, and the isolates were identified through macromorphological, micromorphological, biochemical tests, sugar assimilation and fermentation assays, and proteomic identification using MALDI-TOF equipment. Among the 37 isolates compared, 11 showed positive species correspondence between the phenotypic and proteomic methods. In cases such as *Geotrichum* spp. and *Rhodotorula* spp., proteomic identification proved less efficient, reinforcing the choice of the phenotypic method as the most suitable for classifying the isolates. This preference is also confirmed for predominant yeasts such as *Candida* spp. and *Malassezia* spp., demonstrating the phenotypic method as a reliable tool for characterizing the oral mycobiota of dogs, given the prevalence of these genera in the population of cultivable microorganisms. Of the 37 yeasts tested proteomically, 27 were identified as the genus *Candida*, with 21 confirmed by phenotypic identification, highlighting the potential of the proteomic technique as an aid in identifying these microorganisms. Although the proteomic technique is rapid, it still requires improvements to identify non-*Candida* yeasts, making it useful as a complementary diagnostic tool. On the other hand, phenotypic identification proved to be effective and reliable for characterizing the yeasts in the oral cavity of dogs.

Keywords: Mouth, diagnosis, stomatology, fungi, bite

Introdução

A relação entre humanos e animais está cada vez mais próxima, proporcionando maior transferência de microrganismos patogênicos entre eles (Calderón-Hernández et al., 2024). Isto pode ocorrer por lambedura ou por mordeduras desses animais (Epivatianos et al., 2010; Soltero-Rivera & Reiter, 2020). Assim a microbiota oral de cães, tem ganhado espaço em pesquisas, por ser um local favorável para o desenvolvimento de fungos patogênicos e pouco conhecido (Navarro et al., 2020).

Ressalta-se o fato de microrganismos da cavidade oral de cães como *Cryptococcus* spp. e *Candida* spp. (Angileri et al., 2019; Biegańska et al., 2018) estarem relacionados com crescentes casos de infecções, em destaque para *Candida auris*, com isolamento recente (White et al., 2024).

Um dos desafios no estudo de leveduras é a identificação das espécies. Características coloniais podem ser suficientes para identificar alguns gêneros como *Malassezia* e *Rhodotorula*. Todavia, para a caracterização de espécies, várias técnicas podem ser necessárias, tais como auxanograma, zimograma, produção de tubo germinativo e clamidoconídios (Corrêa et al., 2009).

Para aumentar a precisão na identificação de microrganismos, a técnica de identificação proteômica (MALDI-TOF) foi desenvolvida. Baseada na análise espectrométrica de massa de biomoléculas, permite identificar espécies de microrganismos rapidamente (Taverna et al., 2019). Contudo, é imprescindível a atualização contínua do banco de dados que armazena os espectros gerados (Sanguinetti & Posteraro, 2017).

Considerando o aumento de doenças fúngicas em humanos e animais e a convivência próxima entre espécies, é crucial compreender o potencial patogênico da microbiota oral dos cães e aprimorar as técnicas de identificação. Este estudo buscou isolar fungos leveduriformes da cavidade oral de cães, identificar os isolados por métodos fenotípicos e proteômicos e comparar a eficácia dessas abordagens para apoiar investigações epidemiológicas e o controle de infecções fúngicas.

Material e métodos

Foram coletadas amostras de 38 cães. Os animais foram selecionados aleatoriamente em clínicas veterinárias dos municípios de Seropédica e Itaguaí, Rio de Janeiro, Brasil, bem como no Hospital Veterinário da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Brasil. Os cães pertenciam a raças variadas e de ambos os sexos, com idade mínima de um ano, apresentando ou não doença periodontal. Foram excluindo aqueles resistentes à contenção e que haviam utilizado fármacos antifúngicos nos dois meses anteriores à coleta (CEUA/USP: nº 031/2019 e CEUA/UFRRJ: nº 1936110919).

As amostras (tubos de ensaio contendo 10 mL de salina e escova dental utilizada para coleta) foram transportadas em caixas térmicas em temperatura de refrigeração (-1°C e 8°C) até o laboratório. Após a diluição das amostras em tubos de ensaio (10^{-1} , 10^{-2} , 10^{-3}), 1 mL de cada tubo foi transferido (micropipeta monocanal e ponteiros estéreis) e semeado, pela técnica de *spread plate* com espalhamento com alça de Drigalski, para placas de Petri (90 x 15 mm) contendo agar Sabouraud dextrose 4% acrescido de cloranfenicol, totalizando três placas para cada amostra. As placas permaneceram incubadas a 37°C em estufa B.O.D., com inspeção diária, por até 20 dias (Figura 1a).

Os fungos foram avaliados quanto às características de crescimento das colônias, como tempo de desenvolvimento, aspectos macromorfológicos como pigmentação, tipos de bordas e superfície, e consistência. Estudos da micromorfologia foram realizados mediante prova de produção de tubo germinativo (soro sanguíneo bovino), produção de clamidoconídios (ágar arroz) (Figura 1b) e cápsula (De Hoog & Guarro, 2020).

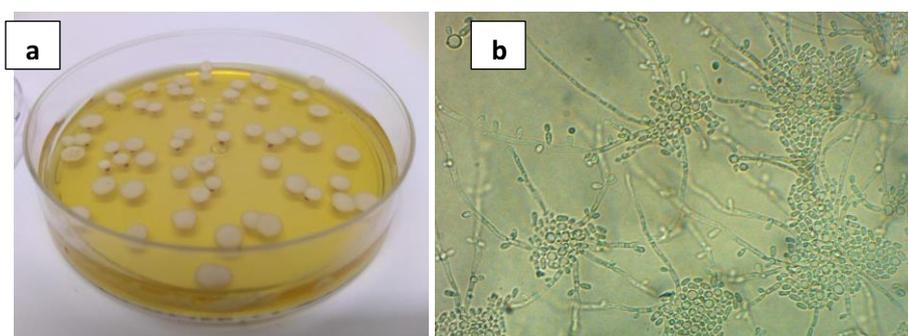


Figura 1. a) Placa de Petri de ágar Sabouraud acrescido de cloranfenicol após sementeira das diluições das amostras da cavidade oral dos cães – colônias de leveduras. b) Microscopia de *Candida* spp. após cultivo em ágar arroz – produção de clamidoconídios – 400x.

Foram realizados testes bioquímicos para verificação da produção de urease (meio de cultivo de Christensen) e feito cultivo em CHROMagar*Candida*[®]. Para a confirmação de espécies foram utilizadas as provas de assimilação de fontes carbonadas e nitrogenadas, como o Auxanograma (Figura 2a), e provas de fermentação de fontes carbonadas, como o Zimograma (Figura 2b).

Dentre as 46 leveduras isoladas, 37 foram submetidas a identificação proteômica, através da técnica que utiliza espectrometria de massa, em equipamento de MALDI-TOF (*Matrix Associated Laser Desorption/Ionization - Time of Flight*) (Bruker Daltonicas[®]).

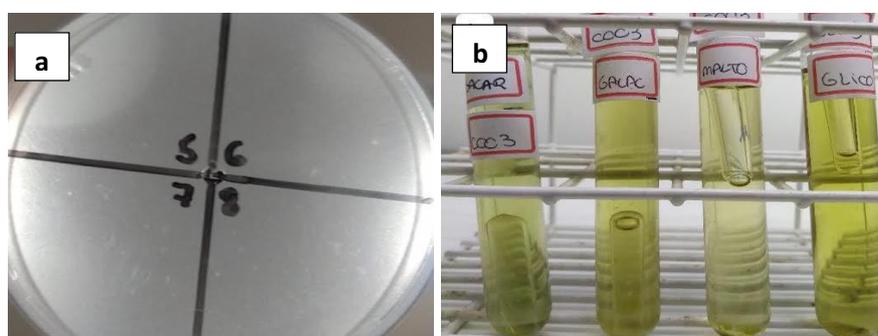


Figura 2. Demonstração das técnicas de Auxanograma e Zimograma. Legenda: a) Placa de Petri em teste de auxanograma – crescimento da levedura evidenciado por zonas opacas nas bordas da placa; b) Bateria de zimograma - evidência de processos fermentativos leva a produção de gás apreendida no interior dos tubos de Durham - a produção de ácidos é verificada pela mudança da coloração do indicador de pH, de verde para o amarelo.

Para o processo de identificação, foram utilizadas culturas recentes de, no máximo, 24 horas de incubação. Para cada isolado, adicionou-se 300 µL de água ultrapura estéril em um microtubo (Eppendorf®/1,5 mL), seguindo da adição de 900 µL de etanol. Cada microtubo foi agitado em equipamento do tipo vórtex, e em seguida, centrifugado a 18.000 rpm durante dois minutos. Os microtubos permaneceram abertos por cinco minutos após retirada do sobrenadante, para evaporação de todo etanol. Em seguida, adicionou-se 50 µL de ácido fórmico a 70%, sendo necessária a homogeneização desta nova solução. Posteriormente, adicionou-se, 50 µL de acetonitrila e, novamente, homogeneizou-se o conteúdo do microtubo, que, então foi centrifugado a 18.000 rpm durante dois minutos.

Por fim, 1 µL do sobrenadante foi colocado no *spot* do equipamento de MALDI-TOF. Esperou-se a secagem e, em seguida, acrescentou-se 1 µL de solução matriz, deixando-se secar novamente. Após a secagem, o *spot* foi introduzido no equipamento para análise. A interpretação dos resultados foi feita de acordo com os critérios utilizados e fornecidos pelo fabricante do equipamento, por meio de sua base de dados informatizada e atualizada. Para a análise estatística da comparação das identificações das leveduras pelos testes fenotípicos e proteômico, foram empregadas análises descritivas simples, como frequências absolutas (números inteiros) e percentuais.

Resultados e discussão

No presente estudo, obteve-se um total de 46 isolados de leveduras dentre os 38 cães utilizados para a pesquisa. Nota-se que apenas 11 (29,72%) dos 37 isolados comparados obtiveram correspondência positiva entre identificação fenotípica e proteômica (linhas amarelas – [Tabela 1](#)), sendo que, diante de evidentes características macroscópicas de colônias ou pela microscopia, principalmente em casos de *Geotrichum* spp. e *Rhodotorula* sp., supõe-se baixa eficiência na identificação proteômica para estes microrganismos.

Tabela 1. Classificação fenotípica das 46 leveduras isoladas da cavidade oral de cães; classificação proteômica de 37 leveduras isoladas da cavidade oral de cães; em **negrito**, estão os isolados com classificações fenotípica e proteômica positivamente correspondentes. (Continua)

Levedura	Identificação Fenotípica	Identificação Proteômica
1	<i>Candida krusei</i>	<i>Candida parapsilosis</i>
2	<i>Candida glabrata</i>	<i>Candida glabrata</i>
3	<i>Candida albicans</i>	<i>Candida albicans</i>
4	<i>Candida krusei</i>	<i>Candida parapsilosis</i>
5	<i>Rhodotorula</i> spp.	<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>
6	<i>Candida albicans</i>	<i>Candida albicans (africana)</i>
7	<i>Geotrichum</i> spp.	<i>Candida parapsilosis</i>
8	<i>Candida krusei</i>	<i>Candida parapsilosis</i>
9	<i>Rhodotorula</i> spp.	<i>Candida parapsilosis</i>
10	<i>Candida krusei</i>	<i>Candida parapsilosis</i>
11	<i>Candida lusitaniae</i>	<i>Candida parapsilosis</i>
12	<i>Candida lusitaniae</i>	<i>Candida tropicalis</i>
13	<i>Candida albicans</i>	<i>Candida albicans</i>
14	<i>Rhodotorula</i> spp.	<i>Rhodotorula mucilaginosa</i>
15	<i>Candida glabrata</i>	<i>Candida glabrata</i>
16	<i>Candida glabrata</i>	<i>Candida glabrata</i>
17	<i>Candida glabrata</i>	<i>Candida glabrata</i>
18	<i>Candida albicans</i>	<i>Candida albicans</i>
19	<i>Rhodotorula</i> spp.	Não identificado
20	<i>Candida tropicalis</i>	<i>Candida albicans</i>
21	<i>Candida tropicalis</i>	<i>Candida albicans</i>
22	<i>Candida albicans</i>	<i>Candida albicans</i>
23	<i>Geotrichum</i> spp.	<i>Diutina catenulata</i>
24	<i>Geotrichum</i> spp.	<i>Diutina rugosa</i>
25	<i>Candida lusitaniae</i>	<i>Pichia kudriavzevii</i>
26	<i>Candida famata</i>	<i>Meyerozyma guilliermondii</i>
27	<i>Candida famata</i>	<i>Candida tropicalis</i>
28	<i>Geotrichum</i> spp.	<i>Candida tropicalis</i>
29	<i>Geotrichum</i> spp.	<i>Torulaspota delbrueckii</i>
30	<i>Candida lusitaniae</i>	<i>Candida tropicalis</i>

Tabela 1. Classificação fenotípica das 46 leveduras isoladas da cavidade oral de cães; classificação proteômica de 37 leveduras isoladas da cavidade oral de cães; em **negrito**, estão os isolados com classificações fenotípica e proteômica positivamente correspondentes. **(Conclusão)**

Levedura	Identificação fenotípica	Identificação proteômica
31	<i>Candida glabrata</i>	<i>Candida metapsilosis</i>
32	<i>Geotrichum</i> spp.	<i>Candida metapsilosis</i>
33	<i>Geotrichum</i> spp.	Não identificado
34	<i>Candida tropicalis</i>	<i>Candida parapsilosis</i>
35	<i>Rhodotorula</i> spp.	<i>Cytobasidium minutum</i>
36	<i>Geotrichum</i> spp.	<i>Candida albicans</i>
37	<i>Geotrichum</i> spp.	<i>Candida albicans</i>
38	<i>Malassezia</i> spp.	-
39	<i>Rhodotorula</i> spp.	-
40	<i>Malassezia</i> spp.	-
41	<i>Malassezia</i> spp.	-
42	<i>Rhodotorula</i> spp.	-
43	<i>Rhodotorula</i> spp.	-
44	<i>Rhodotorula</i> spp.	-
45	<i>Rhodotorula</i> spp.	-
46	<i>Rhodotorula</i> spp.	-

Historicamente, ensaios fenotípicos e bioquímicos são frequentemente usados em países em desenvolvimento para identificação de espécies (Posteraro et al., 2015). Estes testes ainda estão presentes na rotina micológica, e diante de alguns gêneros como *Rhodotorula* (aspecto colonial marcante e característico), *Malassezia* (colônia e microscopia bem definidas) e *Geotrichum* (microscopia característica do gênero), garantem segurança nesta classificação, embora a mesma seja laboriosa para o nível de espécie, como demonstrado por Lara et al. (2021), que encontraram forte correspondência entre a identificação fenotípica e proteômica de *Trichosporon* spp.

Dentre as leveduras obtidas, as do gênero *Candida* foram prevalentes, seguidas por isolados de *Rhodotorula* spp., *Geotrichum* spp. e *Malassezia* spp., conforme detalhado na tabela 2. Dessa forma, diante de microrganismos de características macromorfológicas e microscópicas marcantes, e que podem ser facilmente identificados por testes bioquímicos manuais, a identificação fenotípica mostra-se uma ferramenta útil e confiável para caracterização da micobiota leveduriforme oral de cães, levando em consideração a prevalência destes gêneros dentro da população total de microrganismos cultiváveis.

Neste trabalho, 9 dos 11 isolados correspondentes ao nível de espécie entre identificação fenotípica e proteômica, pertencem ao gênero *Candida*, corroborando a hipótese de boa performance do equipamento MALDI-TOF frente a este gênero. Calderón-Hernández et al. (2024) apontam a contribuição do MALDI-TOF para corrigir espécies com perfis bioquímicos semelhantes dados por VITEK® como *C. ciferii* vs. *C. guillermondii*, *G. klebahnii* vs. *G. candidum*, *R. glutinis* vs. *R. mucilaginosa* e *Trichosporon* spp., além de identificar espécies complexas como *C. orthopsilosis*.

Tabela 2. Distribuição por gêneros identificados por técnica fenotípica e pela técnica proteômica de leveduras isoladas da cavidade oral de cães

Leveduras	Fenotípica	Proteômica
<i>Candida</i> spp.	23	27
<i>Geotrichum</i> spp.	9	0
<i>Malassezia</i> spp.	3	0
<i>Rhodotorula</i> spp.	11	2
<i>Cytobasidium</i> spp.	0	1
<i>Diutina</i> spp.	0	2
<i>Meyerozyma</i> spp.	0	1
<i>Pichia</i> spp.	0	1
<i>Torulaspota</i> spp.	0	1
Não identificado	0	2
Total	46	37

A identificação de *Candida albicans* mostra-se uma das mais exatas ao método fenotípico, visto que características como produção de clamidoconídios, tubo germinativo e coloração esverdeada quando cultivada em meio CHROMagarCandida®, são de fácil reprodução no laboratório, o que foi corroborado pelo trabalho de van Thiel et al. (2022), em que, embora algumas características, como formação de

hifas e pseudo-hifas, pudessem variar em cepas distintas de *Candida albicans*, outros testes fenotípicos levaram à confirmação desta espécie, com posterior identificação por sequenciamento genético, o que consagrou a exatidão deste método.

Dentre as 37 leveduras testadas proteomicamente, 27 foram identificadas como do gênero *Candida*, sendo 21 corroborantes com o achado fenotípico, sem levar em consideração a espécie detectada, o que demonstra o auxílio na identificação destes microrganismos. [Putignani et al. \(2011\)](#) detectaram correspondência entre 257 de um total de 303 isolados de *Candida* identificados por técnica fenotípica (VITEK®) e MALDI-TOF, ressaltando, como neste estudo, a técnica proteômica como ferramenta confiável para auxiliar na caracterização deste gênero em conjunto com a técnica fenotípica.

A mucosa oral de cães pode apresentar cepas ou espécies que não correspondam ao comportamento fenotípico conhecido, podendo-se estar diante de variedades ou mesmo espécies desconhecidas ([Marinho et al., 2010](#)). Diante disso, o método de identificação proteômico surge como uma ferramenta no auxílio da identificação desses microrganismos. O MALDI-TOF apresenta a vantagem de ser rápido e prático na identificação pós-isolamento inicial de leveduras e pode ser considerado um método aliado ao laboratório clínico, como sugerido por [Cassagne et al. \(2016\)](#).

Assim, a metodologia proteômica mostra-se uma ferramenta promissora no auxílio à caracterização de leveduras da cavidade oral de cães, visto que a prevalência dentro dessa microbiota é composta por fungos do gênero *Candida*, como também mostrado em pesquisa de [Prina et al. \(2015\)](#). Contudo, há um alto custo envolvido na aquisição de equipamentos, sendo ainda restrito a centros de pesquisa e, limitando-se quanto a espectros de referência para espécies raras de *Candida* e espécies de leveduras oportunistas em geral, necessitando de uma atualização regular em seu banco de dados ([Clark et al., 2013](#); [Posteraro et al., 2013, 2015](#)).

Conclusão

Diante o elo cada vez mais estreito entre o ser humano e os animais de estimação, como os cães, e considerando o possível contato com a cavidade oral desses *pets*, seja por lambeduras ou mordeduras, torna-se relevante a análise da microbiota canina e as técnicas para sua identificação, principalmente devido à reemergência de patógenos fúngicos como *Candida* spp., *Trichosporon* spp. e *Malassezia* spp., que estão frequentemente envolvidos em micoses que afetam os animais e a saúde humana.

A técnica de identificação proteômica, embora promova praticidade e rapidez, ainda necessita de atualizações para melhor identificar os componentes da microbiota leveduriforme da cavidade oral dos cães, principalmente para leveduras não pertencentes ao gênero *Candida*, mostrando-se útil, até então, como um auxílio ao diagnóstico. Já a técnica de identificação fenotípica mostrou-se consistente e confiável para a identificação das leveduras isoladas da cavidade oral dos cães.

Referências bibliográficas

- Angileri, M., Pasquetti, M., Lucia, M., & Peano, A. (2019). Azole resistance of *Malassezia pachydermatis* causing treatment failure in a dog. *Medical Mycology Case Reports*, 23, 58–61. <https://doi.org/10.1016/j.mmcr.2018.12.004>.
- Biegańska, M. J., Rzewuska, M., Dąbrowska, I., Malewska-Biel, B., Ostrzeszewicz, M., & Dworecka-Kaszak, B. (2018). Mixed infection of respiratory tract in a dog caused by *Rhodotorula mucilaginosa* and *Trichosporon jirovecii*: A case report. *Mycopathologia*, 183(3), 637–644. <https://doi.org/10.1007/s11046-017-0227-4>.
- Calderón-Hernández, A., Castro-Bonilla, N., & Cob-Delgado, M. (2024). Chromogenic, biochemical and proteomic identification of yeast and yeast-like microorganisms isolated from clinical samples from animals of Costa Rica. *Journal of Fungi*, 10(3), 218. <https://doi.org/10.3390/jof10030218>.
- Cassagne, C., Normand, A. C., L'Ollivier, C., Ranque, S., & Piarroux, R. (2016). Performance of MALDI-TOF MS platforms for fungal identification. *Mycoses*, 59(11), 678–690. <https://doi.org/10.1111/myc.12506>.

- Clark, A. E., Kaleta, E. J., Arora, A., & Wolk, D. M. (2013). Matrix-Assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry: A fundamental shift in the routine practice of clinical microbiology. *Clinical Microbiology Reviews*, 26(3), 547–603. <https://doi.org/10.1128/CMR.00072-12>.
- Corrêa, P. R., David, P. R. S., Peres, N. P., Cunha, K. C., & Almeida, M. T. G. (2009). Caracterização fenotípica de leveduras isoladas da mucosa vaginal em mulheres adultas. *Revista Brasileira de Ginecologia e Obstetricia*, 31(4), 177–181. <https://doi.org/10.1590/s0100-72032009000400004>.
- De Hoog, G. S., & Guarro, J. (2020). *Atlas of clinical fungi*. Centraalbureau voor schimmelcultures.
- Epivatianos, A., Kolokotronis, A., Matiakis, A., & Pouloupoulos, A. (2010). Angiofibrolipoma of the oral cavity. *Journal of Investigative and Clinical Dentistry*, 1(1), 47–49.
- Lara, B. R., Camargo, B. B., Paula, C. R., Leite Júnior, D. P., Garces, H. G., Arnoni, M. V., Silveira, M., Gimenes, V. M. F., Siqueira, L. P. M. H., Takahashi, J. P. F., Melhem, M. S. C., Richini-Pereira, V. B., Anversa, L., & Ruiz, L. S. (2021). Comparing the phenotypic, genotypic, and proteomic identification of *Trichosporon* species: A globally emerging yeast of medical importance. *Medical Mycology*, 59(12), 1181–1190. <https://doi.org/10.1093/mmy/myab050>.
- Marinho, S. A., Teixeira, A. B., Santos, O. S., Cazanova, R. F., Ferreira, C. A. S., Cherubini, K., & Oliveira, S. D. (2010). Identification of candida spp. by phenotypic tests and PCR. *Brazilian Journal of Microbiology*, 41(2), 286–294. <https://doi.org/10.1590/S1517-83822010000200004>.
- Navarro, B. S., Auler, M. E., Santos, R. L. O., Ruiz, L. S., Nascimento, D. C., Felipe, P. A. N., Domaneschi, C., Moreira, D., Baroni, F. A., Pires, M. F. C., & Paula, C. R. (2020). Antifungal sensitivity and species of yeasts in oral mucosa of street mixed-breed dogs. *Journal de Mycologie Medicale*, 30(4). <https://doi.org/10.1016/j.mycmed.2020.101010>.
- Posteraro, B., Carolis, E., Vella, A., & Sanguinetti, M. (2013). MALDI-TOF mass spectrometry in the clinical mycology laboratory: Identification of fungi and beyond. *Expert Review of Proteomics*, 10(2), 151–164. <https://doi.org/10.1586/epr.13.8>.
- Posteraro, B., Efremov, L., Leoncini, E., Amore, R., Posteraro, P., Ricciardi, W., & Sanguinetti, M. (2015). Are the conventional commercial yeast identification methods still helpful in the era of new clinical microbiology diagnostics? A meta-analysis of their accuracy. *Journal of Clinical Microbiology*, 53(8), 151–164. <https://doi.org/10.1128/JCM.00802-15>.
- Prina, R. M., Frias, D. F. R., & Kozusny-Andreani, D. I. (2015). Identificação da microbiota gengival de cães aparentemente hígidos. *Ars Veterinaria*, 31(2), 129. <https://doi.org/10.15361/2175-0106.2015v31n2p59>.
- Putignani, L., Chierico, F., Onori, M., Mancinelli, L., Argentieri, M., Bernaschi, P., Coltella, L., Lucignano, B., Pansani, L., Ranno, S., Russo, C., Urbani, A., Federici, G., & Menichella, D. (2011). MALDI-TOF mass spectrometry proteomic phenotyping of clinically relevant fungi. *Molecular BioSystems*, 7(3), 620–629. <https://doi.org/10.1039/c0mb00138d>.
- Sanguinetti, M., & Posteraro, B. (2017). Identification of molds by matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry. *Journal of Clinical Microbiology*, 55(2), 369–379. <https://doi.org/10.1128/JCM.01640-16>.
- Soltero-Rivera, M. M., & Reiter, A. M. (2020). Diseases of the oral cavity and salivary glands. In D. S. Bruyette (Ed.), *Clinical small internal medicine*. Editora Wiley-Blackwell. <https://doi.org/10.1002/978119501237>.
- Taverna, C. G., Mazza, M., Bueno, N. S., Alvarez, C., Amigot, S., Andreani, M., Azula, N., Barrios, R., Fernández, N., Fox, B., Guelfand, L., Maldonado, I., Murisengo, O. A., Relloso, S., Vivot, M., & Davel, G. (2019). Development and validation of an extended database for yeast identification by maldi-tof ms in Argentina. *Medical Mycology*, 57(2), 215–225. <https://doi.org/10.1093/mmy/myy021>.
- van Thiel, I. A. M., Stavrou, A. A., Jong, A., Theelen, B., Davids, M., Hakvoort, T. B. M., Admiraal-van den Berg, I., Weert, I. C. M., Kruijs, M. A. M. H. van, Vu, D., Moissl-Eichinger, C., Heinsbroek, S. E. M., Jonkers, D. M. A. E., Hagen, F., Boekhout, T., Jonge, W. J., & van den Wijngaard, R. M. (2022). Genetic and phenotypic diversity of fecal *Candida albicans* strains in irritable bowel syndrome. *Scientific Reports*, 12(1), 5391. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-09436-x>.

White, T. C., Esquivel, B. D., Salcido, E. M. R., Schweiker, A. M., Santos, A. R., Gade, L., Petro, E., KuKanich, B., & KuKanich, K. S. (2024). *Candida auris* detected in the oral cavity of a dog in Kansas. *MBio*, 15(2). <https://doi.org/10.1128/mbio.03080-23>.

Histórico do artigo:

Recebido: 12 de abril de 2025

Aprovado: 6 de maio de 2025

Licenciamento: Este artigo é publicado na modalidade Acesso Aberto sob a licença Creative Commons Atribuição 4.0 (CC-BY 4.0), a qual permite uso irrestrito, distribuição, reprodução em qualquer meio, desde que o autor e a fonte sejam devidamente creditados.