



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2015: SIC - XXVII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2015
<b>Local</b>	Porto Alegre - RS
<b>Título</b>	ESTUDO DA MICROBIOTA RESIDUAL DE DENTINA CARIADA: UM ENSAIO CLÍNICO RANDOMIZADO
<b>Autor</b>	ANA PAULA DALL'ONDER
<b>Orientador</b>	CLARISSA CAVALCANTI FATTURI PAROLO

## ESTUDO DA MICROBIOTA RESIDUAL DE DENTINA CARIADA: UM ENSAIO CLÍNICO RANDOMIZADO

Ana Paula Dall'Onder: Acadêmica de Odontologia da UFRGS. Aluna bolsista de Iniciação Científica.

Clarissa Cavalcanti Fatturi Parolo: Professora Adjunta do Departamento de Odontologia Preventiva e Social da UFRGS

Atualmente, tratamentos restauradores com remoção parcial de dentina cariada (RP) têm sido propostos, com a finalidade de preservar tecido dentário, mas ainda discute-se a possibilidade das bactérias que permanecem viáveis serem prejudiciais ao órgão dentário. Desta forma, analisar as modificações na composição e na expressão gênica da microbiota residual da dentina cariada após a remoção total de dentina cariada (RT), tratamento padrão, ou RP pode contribuir para a compreensão dos fenômenos associados ao tratamento restaurador de lesões dentinárias. O uso de ferramentas moleculares é importante para avaliar atividade microbiana, visto que grande parte da microbiota bucal é composta por micro-organismos ainda não cultiváveis. Para compreender as funções que as bactérias estão realizando é investigado o RNA mensageiro (mRNA) bacteriano: análise metatranscritoma, ou transcritoma ambiental, que analisa a expressão do gene microbiano dentro de complexos habitats naturais, em um método independente de cultura. O objetivo deste estudo é avaliar as modificações na composição e na expressão gênica da microbiota metabolicamente ativa da dentina em lesões de cárie, antes e depois de dois tipos de tratamento: convencional - RT (grupo controle) - versus conservador - RP (grupo teste). Para isto está sendo realizado um ensaio clínico randomizado controlado (ECR), no qual 54 pacientes com lesões de cárie em metade da dentina de molares permanentes e pré-molares estão sendo selecionados. Após randomização, os pacientes são alocados no grupo teste (n=27) ou no grupo controle (n=27). Os dentes submetidos a ambos os tratamentos, estão sendo selados por um período de seis meses antes da restauração definitiva. Duas amostras de dentina serão coletadas por cada paciente em ambos os grupos: uma antes e outra após o selamento provisório das cavidades. Estas amostras serão analisadas pela técnica RNA-Seq para avaliação metatranscritoma, a qual extrai e sequencia o RNA mensageiro da comunidade microbiana para observar os genes que são expressos. As sequências obtidas serão mapeadas com genomas bacterianos relacionados com biofilmes orais. Os dados obtidos serão transformados em uma tabela com a contagem do número de leituras de cada gene por amostra. A expressão diferencial entre as amostras serão avaliadas por meio de um conjunto de algoritmos pelo DESeq2. Para os genomas bacterianos que apresentarem rotas metabólicas descritas na literatura, o website KEGG será utilizado para analisar as rotas metabólicas dos genes com diferença estatística entre grupos. Até o momento foram avaliados 11 pacientes, sendo que em cinco deles foi realizado RT em que as lesões apresentavam consistência de dentina coriácea (1) e dura (4) e coloração amarela (2) e castanho claro (3). O grupo de RP, composto por 6 pacientes, apresentou lesões com consistência mole (2) e coriácea (4) e coloração amarela (1) e castanho claro (5). As amostras de dentina estão sendo armazenadas em solução de proteção (Reagente RNAProtect, Qiagen, Valencia, CA), e armazenadas a -80°C para posterior análise. Demais Autores: Marisa Maltz, Nailê Damé Teixeira, Daniela Jorge Corralo, Laís Ev, Thuy Do.