



SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA  
XXVIII SIC

paz no plural



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2016: SIC - XXVIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2016
<b>Local</b>	Campus do Vale - UFRGS
<b>Título</b>	METATRANSCRIPTOMA DA MICROBIOTA RESIDUAL DE DENTINA CARIADA
<b>Autor</b>	ARIEL GOULART RUP
<b>Orientador</b>	MARISA MALTZ TURKIENICZ

## METATRANSCRIPTOMA DA MICROBIOTA RESIDUAL DE DENTINA CARIADA

Ariel Goulart Rup: Acadêmico de Odontologia da UFRGS. Aluno bolsista de Iniciação Científica.

Marisa Maltz: Professora Titular do Departamento de Odontologia Preventiva e Social da UFRGS

A remoção tradicional de tecido cariado, segundo o critério de dureza, pode ocasionar exposição pulpar e diminuição de sobrevivência da vitalidade pulpar do dente. Uma estratégia de tratamento é a remoção parcial de tecido cariado (RPTC) com a finalidade de evitar a exposição pulpar. A remoção parcial da dentina cariada e o selamento da cavidade reduzem significativamente do número de micro-organismos viáveis na dentina. O objetivo deste estudo é avaliar a atividade metabólica dos micro-organismos remanescentes na dentina cariada selada. Um ensaio clínico randomizado controlado foi desenvolvido para avaliar a atividade metabólica na dentina após dois tipos de tratamento: (1) convencional (RTTC) - com remoção total da dentina cariada (grupo controle), coleta de uma única amostra e restauração da cavidade e (2) conservador (RPTC)- com remoção parcial da dentina cariada (grupo teste). Foi realizada uma coleta de amostras da dentina cariada remanescente (amostra inicial), selamento por um período de seis meses, reabertura da cavidade e coleta de uma segunda amostra (amostra final). Foram avaliadas as características clínicas da dentina de consistência e coloração. O critério de inclusão foi a presença de lesão de cárie em terço médio de dentina identificadas através de radiografia interproximal de molares permanentes e pré-molares. N=64 pacientes foram atendidos e foram coletadas 80 amostras, alocados no grupo RPTC (n=40) ou no grupo RTTC (n=40). Imediatamente após a coleta as amostras de dentina são imersas em solução estabilizadora de RNA (RNAprotect, Qiagen, Valencia,CA), a qual é removida (por centrifugação 5000rpm por 1min) para armazenamento a -80°C. A análise do metatranscritoma (técnica RNA-Seq) é realizada na Universidade de Leeds, Reino Unido. Para o envio das amostras as mesmas são ressuspensas em RNAprotect. As sequencias obtidas serão mapeadas com genomas bacterianos de biofilmes dentários. Os dados obtidos serão transformados em uma “*count table*” pela contagem do número de *reads*/gene/amostra. A expressão diferencial entre as amostras será avaliada por meio de um conjunto de algoritmos DESeq2. O banco de dados KEGG será utilizado para analisar rotas metabólicas dos organismos. Foram coletadas 40 amostras do grupo RTTC que apresentaram as seguintes características clínicas: (a) consistência: n=1 mole, n=6 coriácea e n=32 dura e (b) coloração: n=6 amarela, n=22 castanho claro e n=11 castanho escuro. Das 40 amostras coletadas iniciais do grupo RPTC, as seguintes características foram identificadas: (a) consistência: n=12 mole, n=23 coriácea, n=5 duras e (b) coloração: n=7 amarela, n=24 castanho claro e n=9 castanho escuro. 12 amostras finais do grupo RPTC foram coletadas até o presente momento, com características clínicas de (a) consistência: n=6 dura, n=4 coriácea e (b) coloração n=2 amarela, n=2 castanha clara e n=6 castanha escura. O RNA total foi extraído de 22 amostras do grupo RTTC, apresentaram mediana de 4,98ng/RNA (quartil 25%-75%= 0,09-22,18), do grupo RPTC foram analisadas 19 amostras antes do selamento que apresentaram mediana de 4,43ng/RNA (quartil 25%-75%= 1,45-10,58) e 11 amostras após o selamento, que apresentaram mediana de 25,74ng/RNA (quartil 25%-75%= 6,79-32,40). Observou-se que houve uma modificação nas características clínicas da dentina após o selamento das cavidades. A quantidade de RNA detectada nas amostras é bastante reduzida. As amostras serão agrupadas de acordo com as características clínicas para obter uma quantidade suficiente de RNA para preparo de bibliotecas genômicas para sequenciamento de alto rendimento (Illumina Hi-Seq2500). Financiamento: FAPERGS (2032-2551/13-1) / CNPq (482504/2013-7) / Leeds Teaching Hospitals Charitable Foundation (R&D/PP/12011) Co-autores: Thuy Do, Clarissa Parolo, Nailê Damé-Teixeira, Andrea Catelan