



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

ANA PAULA DALL'ONDER<sup>1</sup>, CLARISSA CAVALCANTI FATTURI PAROLO<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Acadêmica de Odontologia da UFRGS. Aluna bolsista de Iniciação Científica.

<sup>2</sup> Professora Adjunta do Departamento de Odontologia Preventiva e Social da UFRGS

### INTRODUÇÃO E OBJETIVOS

O tratamento convencional de lesões de cárie cavitadas em dentina é o tratamento restaurador baseado na Remoção Total (RT) de dentina cariada, seguida do selamento das cavidades. 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. 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) e Conservador – RP (grupo teste).

### MATERIAIS E MÉTODOS

#### Desenho do estudo:

Estudo de ensaio clínico, randomizado, controlado, duplo-cego.

#### Amostragem:

20 pacientes, sendo 10 no grupo teste (RP) e 10 no grupo controle (RT).

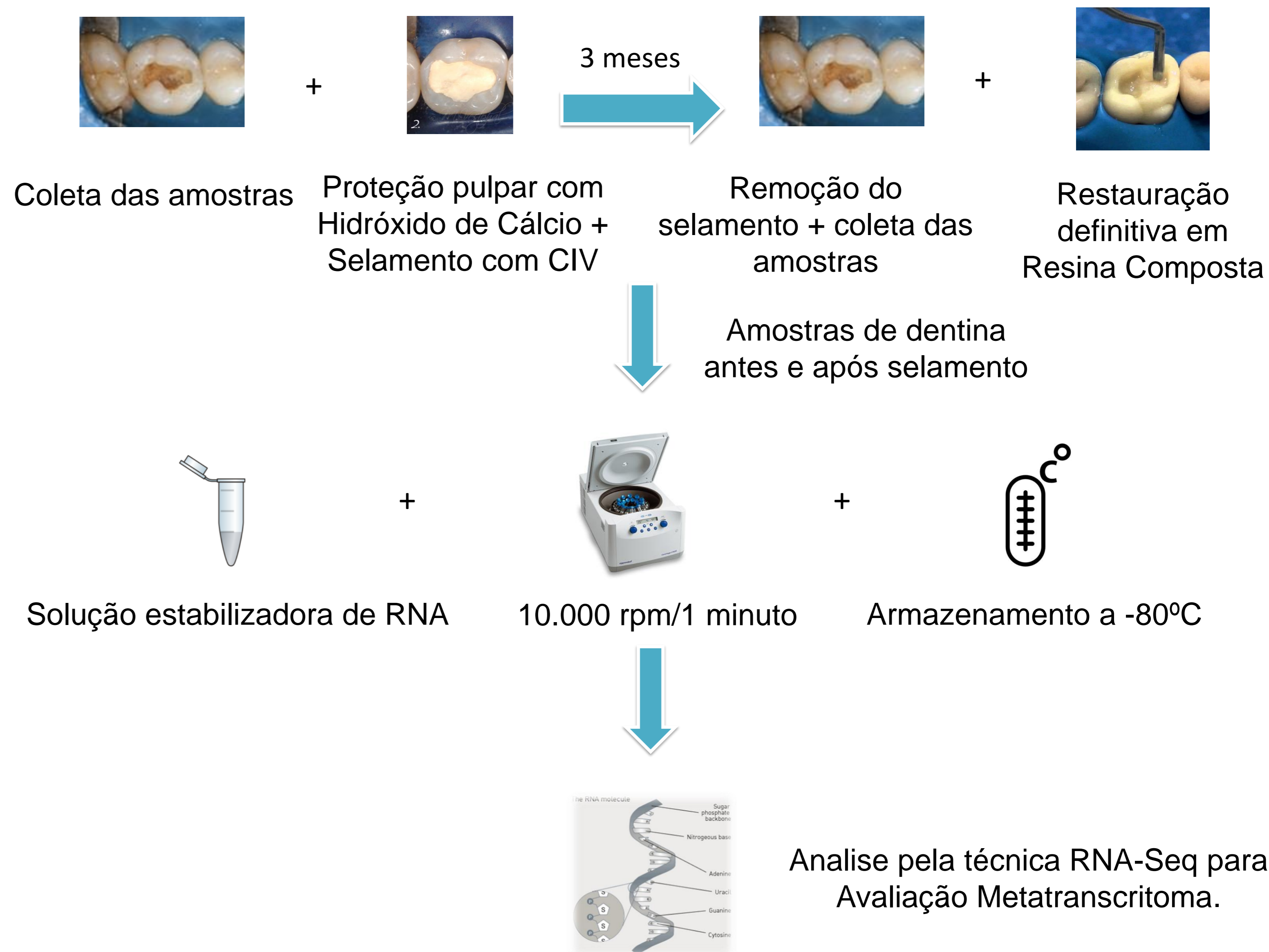
#### Critérios de Inclusão:

- Molares permanentes;
- Lesão de cárie atingindo metade externa de dentina no exame radiográfico;
- Ausência de risco de exposição pulpar;
- Sinais e sintomas indicativos de vitalidade pulpar.

#### Critérios de Exclusão:

- Indivíduos que fazem ou fizeram uso de antimicrobianos no período de 3 meses antes da data do exame;
- Indivíduos que fazem uso de aparelho ortodôntico fixo;
- Pacientes ou responsáveis que não aceitaram participar da pesquisa.

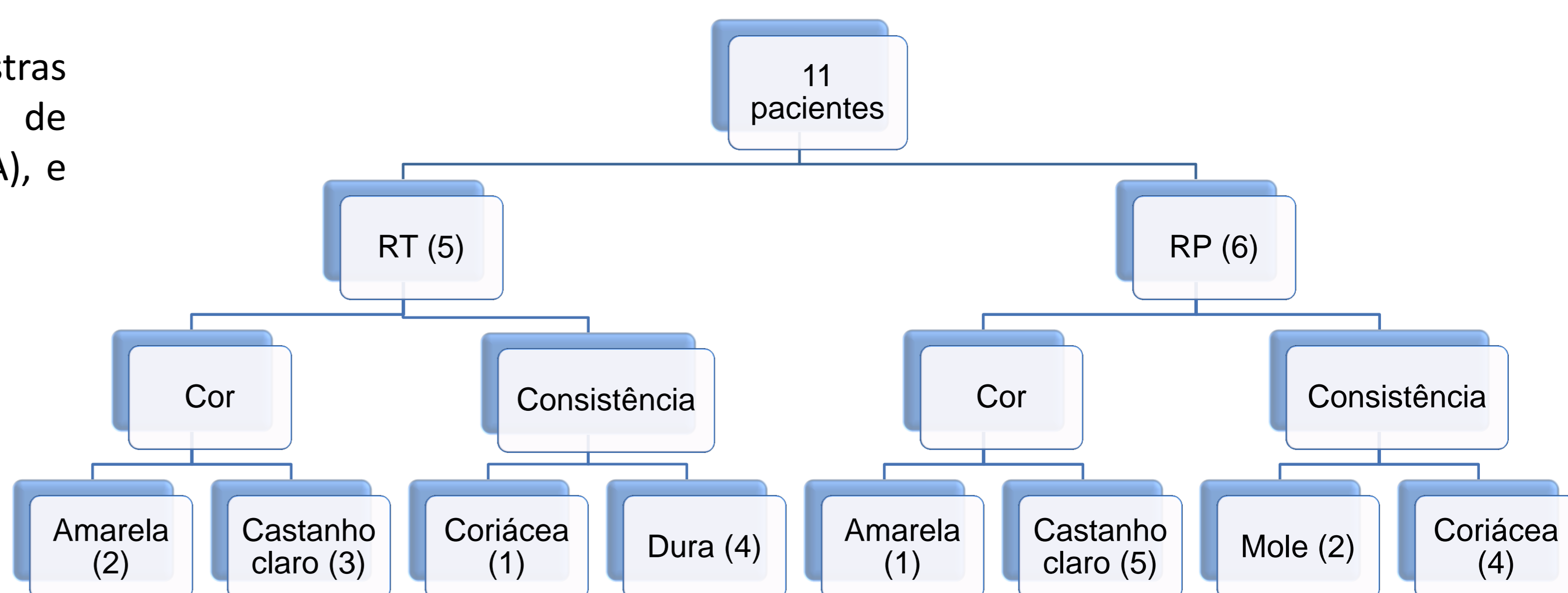
#### Desenho experimental:



As sequências obtidas serão mapeadas com genomas bacterianos relacionados com biofilmes orais. Os dados obtidos serão transformados em uma "count table" pela contagem do número de reads que cada gene apresentar em cada amostra. A expressão diferencial entre as amostras serão avaliadas por meio de um conjunto de algoritmos 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.

### RESULTADOS PARCIAIS

Até o momento foram avaliados 11 pacientes, as amostras de dentina estão sendo armazenadas em solução de proteção (Reagente RNAprotect, Qiagen, Valencia, CA), e armazenadas a -80°C para posterior análise.



#### APOIO