

ESTUDO DO MICROBIOMA E RESISTOMA DE IMPLANTES DENTÁRIOS SAUDÁVEIS E COM PERI-IMPLANTITE



Carolina Pires¹, Ricardo Alves^{1,2,3}, Lucinda J. Bessa^{1,2}

¹ Instituto Universitário Egas Moniz (IUEM), Egas Moniz School of Health & Science, Caparica, Almada, Portugal

² Egas Moniz Center for Interdisciplinary Research (CiEM); Egas Moniz School of Health & Science, Caparica, Almada, Portugal

³ Clinical Research Unit (CRU), CiEM, Egas Moniz School of Health & Science, Caparica, Almada, Portugal

Email address: carolinasantospire@gmail.com

INTRODUÇÃO

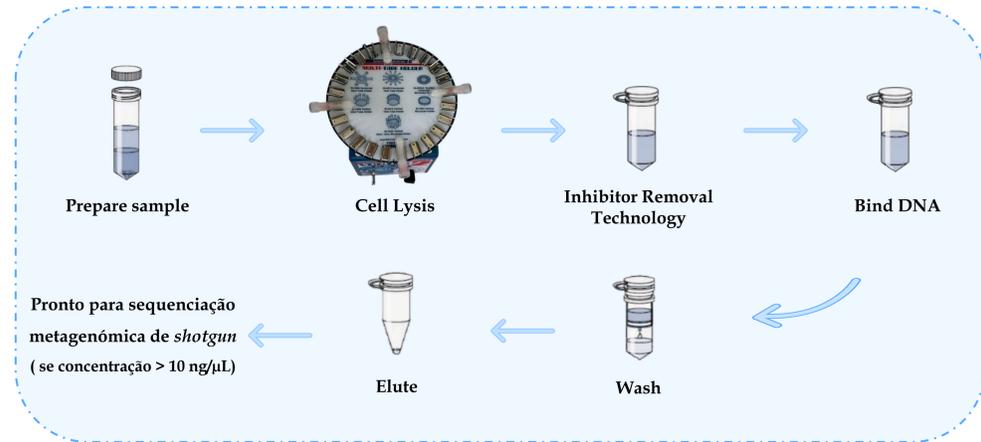
A peri-implantite (PI) é uma condição patológica mediada por biofilme e que, a longo prazo, pode levar à perda do implante (Kormas et al., 2020). Sendo por isso, importante obter mais conhecimento sobre o microbioma de implantes saudáveis e de implantes com PI. Neste trabalho, foi levado a cabo um estudo preliminar, com recurso à sequenciação metagenómica de shotgun, da composição taxonómica e a identificação de genes de resistência a antibióticos (ARGs) em amostras de saliva e biofilme subgingival de dois pacientes com implantes dentários.

Objetivo do estudo: Analisar a composição taxonómica e a presença de ARGs em amostras de saliva e de biofilme subgingival de implantes.

MATERIAIS E MÉTODOS

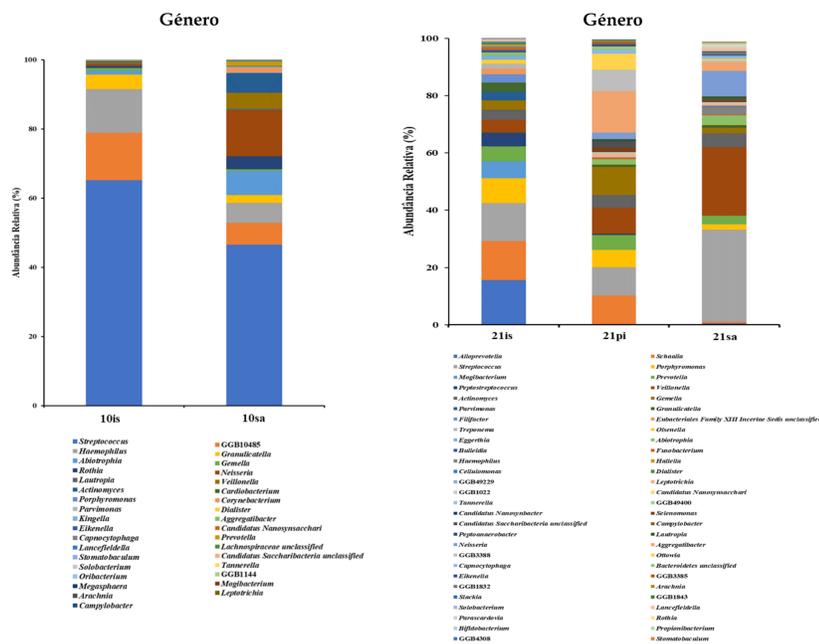
- ✓ Após aprovação pela Comissão de Ética Egas Moniz, foram recrutados dois pacientes na Clínica Dentária Egas Moniz:
 - a) Paciente 10, pertencente ao grupo dos implantes saudáveis
 - b) Paciente 21, pertencente ao grupo com co-ocorrência de implantes saudáveis e com peri-implantite
- ✓ Foram recolhidas amostras de saliva e de biofilme subgingival de ambos os pacientes
- ✓ Foi extraído o DNA microbiano total de todas as amostras (10is, 10sa, 21is, 21sa, 21pi), utilizando o kit Dneasy PowerSoil Pro (Qiagen), de acordo com as instruções do fabricante
- ✓ Por fim, foi efetuada a análise da sequenciação metagenómica de *shotgun*

DNeasy Power Soil Pro Kit



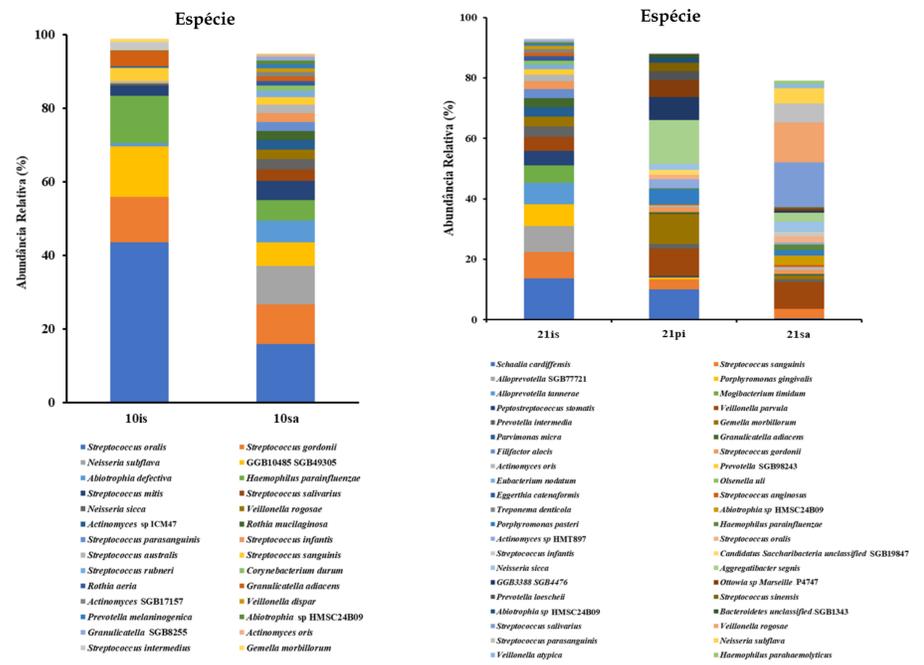
RESULTADOS

Obteve-se o perfil taxonómico de todas as amostras de ambos os pacientes dando maior ênfase ao nível do género e da espécie. A abundância relativa ao nível da espécie, foi diferente entre as amostras analisadas, sendo que as amostras de saliva apresentavam maior diversidade quando comparadas com as amostras do biofilme subgingival dos implantes. Relativamente ao género, apenas podemos identificar o género *Streptococcus* como o presente em todas as amostras de ambos os pacientes.



Streptococcus oralis foi a espécie mais abundante em ambas as amostras do paciente 10 (10is e 10sa), por outro lado, a espécie *Neisseria subflava* apenas se encontrava presente na amostra do implante saudável (10is).

No paciente 21, a espécie *Schaalia cardiffensis* estava presente nas amostras dos implantes saudáveis e afetados por PI (21is e 21pi), mas ausente na amostras de saliva (21sa), a espécie *Aggregatibacter segnis* foi uma das espécies mais abundantes na amostra de implante afetado por PI (21pi) em comparação com as restantes amostras (21sa e 21is).



Foram identificados vários ARGs em todas as amostras de ambos os pacientes, no entanto, as amostras do paciente 21 apresentaram maior diversidade de ARGs em comparação com as do paciente 10:

- Os genes *patA* e *patB* que conferem resistência às fluoroquinolonas, foram detetados e todas as amostras analisadas
- Por outro lado, existem alguns genes que apenas foram encontrados numa das amostras (como se pode verificar no quando ao lado)
- Por fim, podemos salientar genes que foram encontrados em total identidade: *CfxA2* (amostra 21pi), que confere resistência às cefamicinas, e *tetR* (na amostra 21sa), que confere resistência às tetraciclina

CONCLUSÃO

Este trabalho preliminar, realizado em amostras de apenas dois pacientes, permitiu essencialmente testar a metodologia e o fluxo de trabalho utilizado, para num futuro ser aplicado a um maior número de pacientes de forma a obter resultados mais conclusivos.

Relevância clínica: Este tipo de estudos que utilizam a sequenciação metagenómica de shotgun são essenciais para desvendar o perfil microbiano disbiótico e funcional na PI.

As cores indicam a % de identidade com a respetiva sequência de MAGs. Os números, por sua vez, indicam o número de MAGs de cada amostra em que cada ARG foi identificado.

ARG	Paciente 10		Paciente 21		
	10is	10sa	21is	21pi	21sa
<i>patA</i>	4	3	1	1	2
<i>patB</i>	4	2	1	1	2
<i>patB_A</i>	1				
gene <i>vanE</i> em van clusters	9	9	2	1	5
gene <i>vanZ</i> em van clusters	2	5	5	3	9
gene <i>vanM</i> em van clusters	2	1	2		
gene <i>vanH</i> em van clusters	1	1	2	2	4
<i>vanG</i>			1		
<i>qacG</i>	3	3	1	2	5
<i>Hmr_PBP1_BLA</i>	1	1		1	2
<i>patB</i>			1		
<i>ErmE</i>			1		1
<i>tetM</i>			1		1
<i>mdaA</i>				1	2
<i>Ecol_EETn_PLY</i>					1
<i>Kamc_AgmII</i>				1	1
<i>CfxA2</i>				1	
<i>qacZ</i>					1
<i>tetB</i>					1
<i>terR</i>					1
<i>cmz</i>					1

AGRADECIMENTOS

Este trabalho de investigação, foi financiado pela Fundação para a Ciência e Tecnologia (FCT) através do projeto MICROresist-PI (2022.01430.PTDC).



BIBLIOGRAFIA

Kormas, I., Pedercini, C., Pedercini, A., Raptopoulos, M., Alassy, H., & Wolff, L. F. (2020). Peri-Implant Diseases: Diagnosis, Clinical, Histological, Microbiological Characteristics and Treatment Strategies. A Narrative Review. *Antibiotics*, 9(11), 1–19. <https://doi.org/10.3390/antibiotics9110835>