

Revisão científica
da Federação
Europeia de
Periodontologia



Tradutor: Ricardo Faria Almeida
Presidente da Sociedade Portuguesa
de Periodontologia.

Relatores:

Kuka, S., Duzenli, D, with Yilmaz, S.

Link to Original JCP article:

<http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/jcpe.12465/full>
Acesso através da página de registo para os membros da EFP:
<http://www.efp.org/members/jcp.php>

Instituição: Preparado pelos alunos do Programa de Pós-graduação em Periodontologia do Departamento de Periodontologia, Faculdade de Medicina Dentária, da Universidade de Yeditepe, Istanbul, Turquia.

Estudo:

Microrganismos Orais em pacientes chineses com periodontite agressiva.

Li Y, Feng X, Xu L, Zhang L, Lu R, Shi D, Wang X, Chen F, Li J, Meng H.
J Clin Periodontol 2015:42 1015-1023.

Resumido do artigo original com a devida permissão de Wiley Library Online
Copyright © 1999-2015 John Wiley & Sons, Inc. Direitos reservados

**Revisão Relevante
para o estudo:**

Periodontite agressiva (AgP) é uma forma rara da doença periodontal inflamatória caracterizada pela rápida perda de inserção e destruição do osso alveolar observada em uma idade precoce. AgP apresenta-se com uma agregação familiar, o que pode ser explicada tanto por factores genéticos como ambientais, juntamente com a transmissão intra-familiar dos microorganismos infecciosos periodontais.

De acordo com o relatório de consenso da classificação internacional de doenças periodontais 1999, pacientes AgP apresentam maiores proporções de *Aggregatibacter actinomycetemcomitans* (Aa.) ou *Porphyromonas gingivalis* (Pg.) em diferentes populações. No entanto, tem sido relatado que, em alguns pacientes asiáticos com AgP o Aa. não pode ser identificada como estando presente.

**Objectivo
do Estudo:**

O objetivo deste estudo foi demonstrar a composição microbiana dos pacientes chineses com AgP e comparar os perfis bacterianos entre os pacientes AgP e os seus parentes de sangue em primeiro grau, utilizando a técnica genéticas de piro sequência para o gene 16S rRNA.

Métodos:

Recolheu-se amostras de saliva e placa subgingival de 10 pacientes AgP e de 10 parentes de sangue em primeiro grau com periodontite crônica. O ADN genómico foi isolado a partir da saliva e de amostras

de placa subgingival. Foram realizadas amplificação do gene bacteriano 16S rRNA e sequenciação com PCR dos produtos.

Resultados:

- A distância uni fração não ponderada entre os pacientes AgP e seus familiares foi significativamente menor do que os participantes não relacionados.
- A abundância relativa de Pg. e os agentes patogênicos do complexo vermelho em amostras de placa subgingival de pacientes AgP foi maior do que nos seus parentes de sangue em primeiro grau.
- A abundância relativa de Pg. e os agentes patogênicos do complexo vermelho em amostras de saliva de pacientes AgP foram semelhantes aos seus parentes de sangue em primeiro grau.
- A abundância relativa de Pg. e os agentes patogênicos do complexo vermelho em amostras de placa subgingival foram maiores do que em amostras de saliva tanto para os pacientes AgP e como para os seus parentes de sangue em primeiro grau.
- A abundância relativa de Pg. e dos seus agentes patogênicos do complexo vermelho na saliva estão fortemente correlacionadas com os níveis de placa subgingival das amostras para cada um dos paciente com AgP.

**Limitações,
Conclusões
e Impacto:****Limitações:**

- O pequeno tamanho da amostra.
- Diferença de idade entre os pacientes com AgP e os seus parentes.

Conclusões:

Arquitetura filogenética similar da composição microbiana dos pacientes AgP e dos seus parentes de sangue em primeiro grau foram observadas, essas evidências da transmissão microbiana entre membros da família foi proposto. Além disso, Pg. pode ser o agente patogênico periodontal predominante em pacientes chineses com AgP.

Impacto:

Conclusões do estudo são cruciais para o tratamento e profilaxia de pacientes chineses com AgP.