

AVALIAÇÃO DA DIVERSIDADE DA MICROBIOTA ORAL DE CÃES COM DIFERENTES ESTADOS DE SAÚDE BUCAL



Lucas Dornelles dos Reis (Estágio CRUN / UCS), Mauricio Tavares; Sergio Echeverrigaray; Fernando J. Scariot; Wesley R. Lopes; Ana Paula Longaray Delamare (Orientadora)

INTRODUÇÃO

Com o aumento progressivo da placa bacteriana, ocorrem mudanças na microbiota oral, podendo ocasionar gengivite e periodontite. Estas alterações se caracterizam pela hiperemia e retração gengival, exposição da furca e perda dentária. Devido a dor e desconforto, cães com doença periodontal podem desenvolver anorexia e adipsia, predispondo o animal a quadros de imunossupressão, enfermidades sistêmicas e complicações clínicas. O objetivo deste trabalho foi avaliar a microbiota oral de cães saudáveis, com gengivite e com periodontite a fim de determinar possíveis agentes etiológicos do processo.

METODOLOGIA

A coleta do material para os grupos de animais saudáveis e com gengivite foi por meio de swab gengival, enquanto o grupo periodontite foi feito por sondagem do sulco gengival. O material foi inoculado em placas com ágar Colúmbia acrescido de 5% de sangue equino e incubados durante 48 h a 37°C. A seleção dos isolados foi feita pela diferença fenotípica das colônias, e a identificação dos isolados foi realizada através do sequenciamento da região 16S rDNA empregando "primers" universais. As sequências obtidas foram comparadas com aquelas depositadas no GenBank (Figura 1).

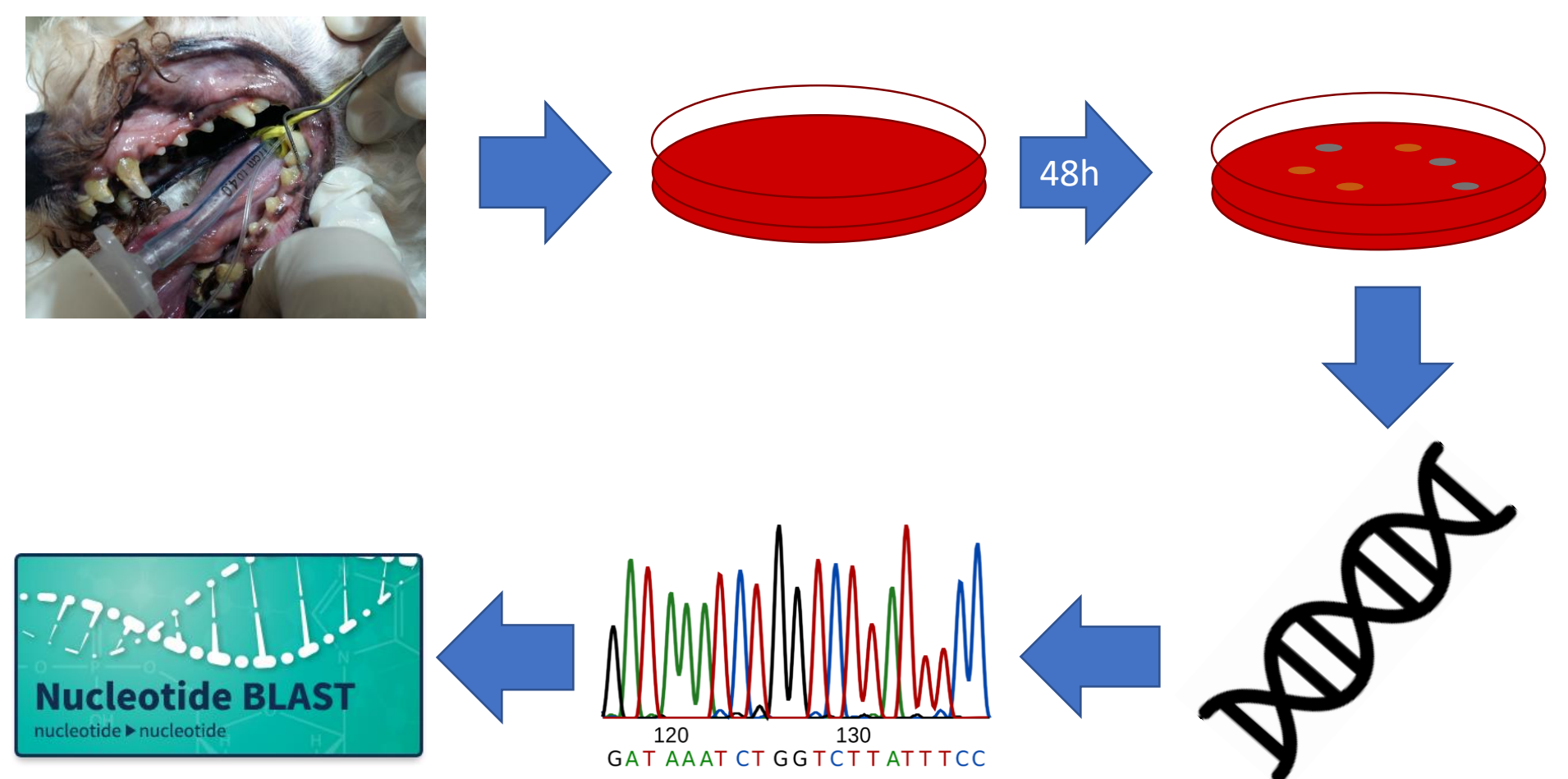


Figura 1. Esquema da metodologia utilizada no trabalho

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foram identificadas um total de 187 bactérias pertencentes a 4 filos (Figura 2) e 27 gêneros diferentes (Figura 3). No grupo saudável a maior parte dos isolados identificados pertencem aos gêneros *Staphylococcus spp* (26,9%), *Neisseria spp* (17,3%), *Actinomyces spp* (15,4%), *Chryseobacterium spp* (7,7%), *Proteus mirabilis* (7,7%) outros 7 gêneros (25%).

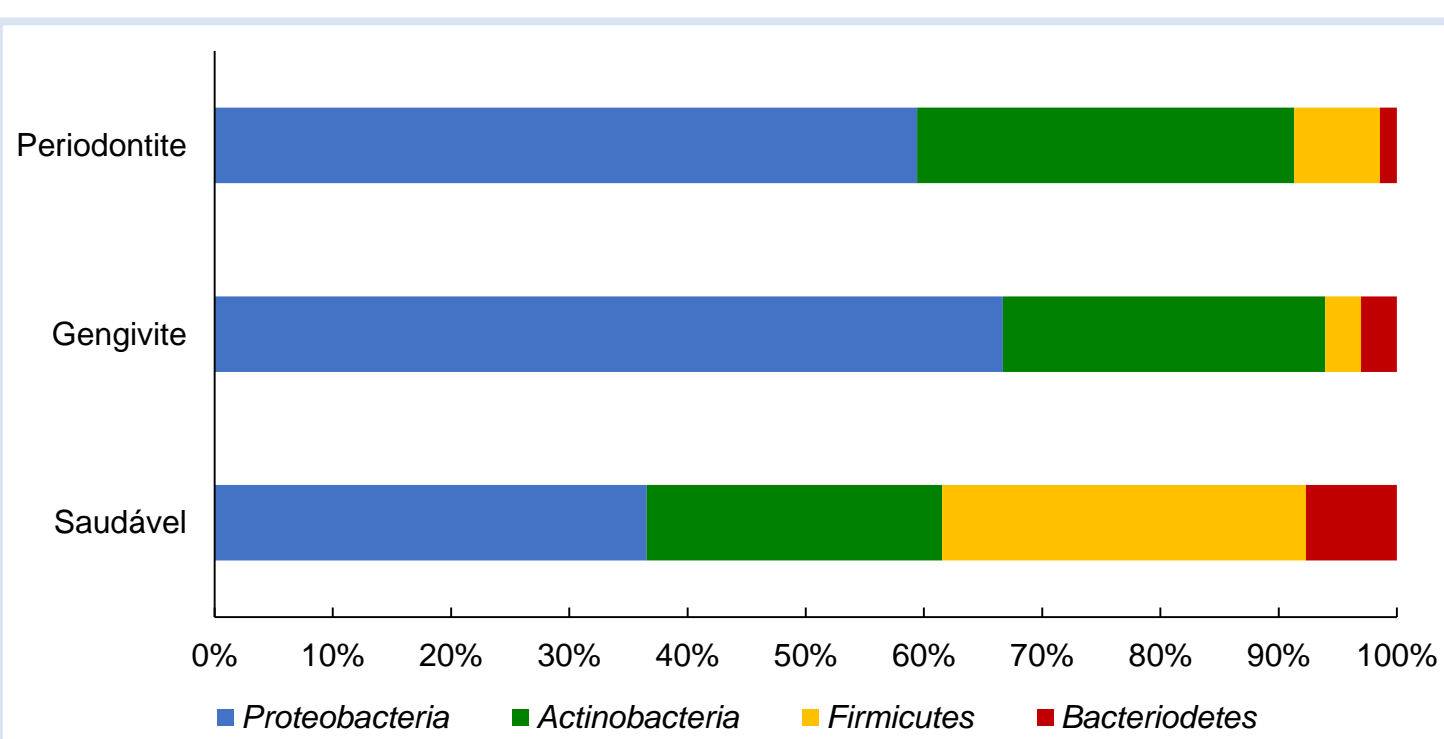


Figura 2 – Filos identificados nos 3 grupos avaliados.

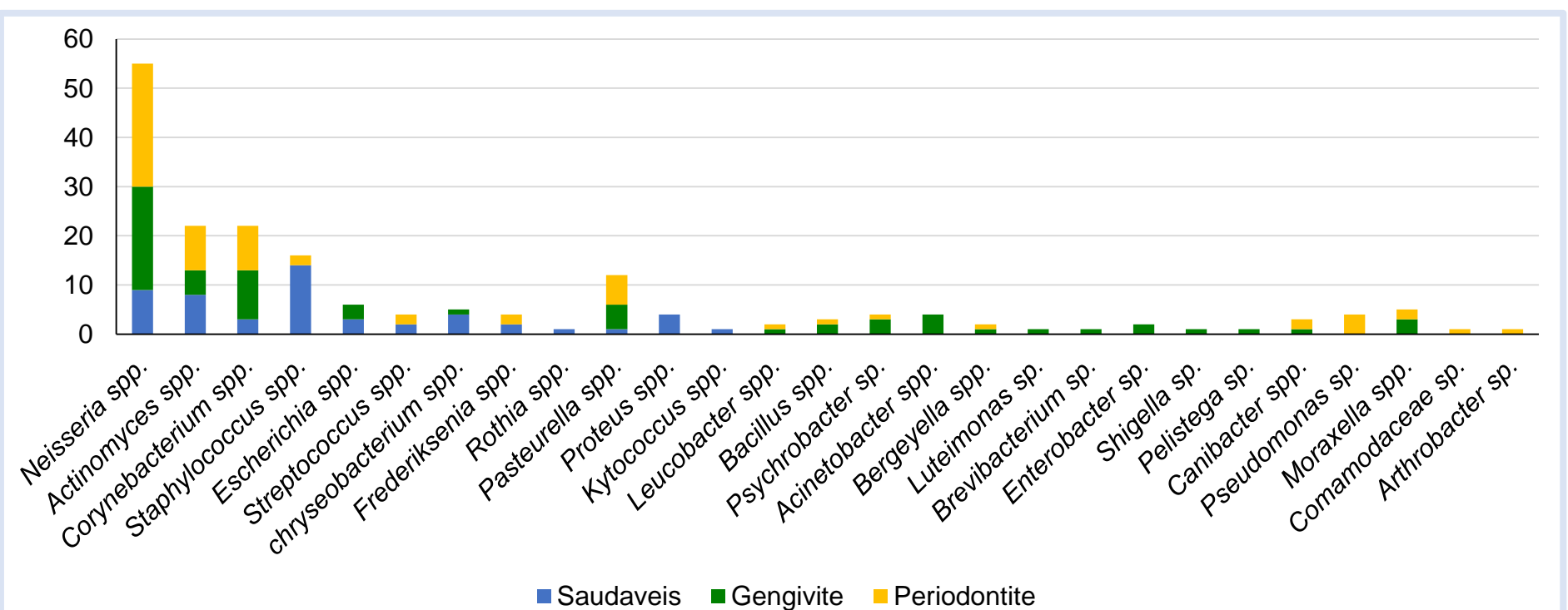


Figura 3 – Gêneros bacterianos identificados nos 3 grupos avaliados.

O grupo gengivite apresentou isolados de *Neisseria spp* (31,8%), *Corynebacterium spp* (15,1%), *Pasteurella spp* (7,6%), *Actinomyces spp* (7,6%), *Acinetobacter spp* (6%), *Moraxella cuniculi* (4,6%) e outros 12 gêneros (27,3%). No grupo periodontite os gêneros com maior número de isolados foram *Neisseria spp* (36%), *Actinomyces spp* (13%), *Corynebacterium spp* (13%), *Pasteurella spp* (9%), outros 12 gêneros restantes (29%).

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Em comparação aos cães saudáveis, os grupos gengivite e periodontite mostraram maior prevalência de *Proteobacteria* e reduzido número de *Firmicutes*. Estes resultados indicam que bactérias do filo *Proteobacteria*, ou o desequilíbrio provocado pelo seu aumento, pode ser responsável pela progressão da doença periodontal em cães.

REFERÊNCIAS

VENTURINI, M. A. F. A. Estudo retrospectivo de 3055 animais atendidos no ODONTOVET (Centro Odontológico Veterinário) durante 44 meses. Dissertação de Mestrado em Cirurgia Veterinária. Faculdade de medicina veterinária e zootecnia, Universidade de São Paulo. São Paulo, 2006.
HARVEY, C. E.; EMILY, P. P. Small animal dentistry. St. Louis: Mosby, 1993. 593p.

AGRADECIMENTOS

