Microbioma de canais radiculares com periodontite apical. Estudo baseado em sequenciamento de nova geração.

KAREN BRISSON SUAREZ[1], KALINE ROMEIRO[2,3], LIVIA BONETTI VILLELA[4], FLAVIA LIMA DO CARMO[1]

[1.] UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO DE JANEIRO, INSTITUTO DE MICROBIOLOGIA PAULO DE GÓES, RIO DE JANEIRO, BRASIL
[2.] CENTRO UNIVERSITÁRIO UNIFACOL, DEPARTAMENTO DE DENTÍSTICA RESTAURADORA, VITÓRIA DE SANTO ANTÃO, PE, BRASIL
[3.] HOSPITAL PELÓPIDAS SILVEIRA, DIVISÃO DE ODONTOLOGIA, RECIFE, PE, BRASIL
[4.] UNIVERSIDADE FEDERAL FLUMINENSE, DEPARTAMENTO DE BIOLOGIA MARINHA, NITERÓI, RIO DE JANEIRO, BRASIL

Introdução: A periodontite apical é uma infecção bacteriana que afeta o sistema de canais radiculares e representa um desafio para a endodontia devido à sua natureza polimicrobiana. O sequenciamento do gene 16S rRNA permite caracterizar a diversidade microbiana associada a essa condição. **Objetivo:** Caracterizar o microbioma do sistema de canais radiculares em pacientes com periodontite apical e avaliar sua associação com variáveis clínicas. **Materiais e Métodos:** Amostras foram coletadas de canais radiculares de 23 pacientes sem doenças sistêmicas. O DNA microbiano foi extraído e submetido ao sequenciamento do gene 16S rRNA. As variantes de sequência de amplicons (ASVs) foram identificadas utilizando o algoritmo DADA2 na plataforma QIIME2, com atribuição taxonômica baseada no banco de dados Silva. A diversidade alfa (riqueza e índice de Shannon) foi analisada no software R. A diversidade beta foi avaliada por distância de Bray-Curtis e PERMANOVA. **Resultados:** A riqueza de ASVs variou entre 15 e 280 (média = 88,9), e o índice de Shannon entre 1 e 5 (média = 3). Os gêneros mais abundantes foram *Bacteroides* (15,5%) e *Fusobacterium* (8,6%), ambos presentes em 87% das amostras, com correlação negativa significativa ($r = -0,56$; $p < 0,01$). Não houve diferenças significativas na diversidade alfa em relação ao sexo ou tamanho da lesão ($p > 0,05$). A análise de diversidade beta revelou associação significativa com o sexo ($R^2 = 0,1145$; $p = 0,023$), enquanto o tamanho da lesão não foi significativo. **Discussão:** Observou-se alta variabilidade na composição microbiana entre as amostras, sem um padrão único de espécies. A correlação negativa entre os principais gêneros sugere possíveis interações ecológicas. As diferenças na diversidade beta indicam influência de fatores do hospedeiro na estrutura microbiana. **Conclusão:** O microbioma endodôntico apresenta elevada complexidade e heterogeneidade. Diferentes consórcios microbianos podem estar associados à periodontite apical, reforçando seu caráter polimicrobiano e multifatorial.

Agradecimentos: