

conforme apropriado. O nível de significância foi estabelecido em 0,05%.

Resultados: Resultados: Neste estudo in vitro verificou-se que a utilização dos EGSS segundo os ciclos erosivos descritos induziram diminuições significativas da microdureza quando comparados com o grupo controlo. A diferença de constituintes entre os dois EGSS motivou a uma menor diminuição da microdureza no grupo A em que o estimulante possui ácido málico, flúor e xilitol na sua constituição (35,32% /-15,61), embora essa diminuição não seja significativa quando comparado com o EGSS que possui ácido cítrico (45,35%/-18,67) (Grupo C).

Conclusões: Neste estudo in vitro ambos os EGSS induziram uma diminuição significativa da microdureza das amostras após os ciclos a que foram submetidas. Existe uma tendência para uma menor diminuição da microdureza no grupo em que o EGSS possui ácido málico. No entanto para confirmação destas hipóteses sugere-se a elaboração de outro estudo com um maior número de amostras e a utilização de técnicas profilométricas.

<http://dx.doi.org/10.1016/j.rpemd.2013.12.005>

I-5. Que proteínas de origem microbiana existem na cavidade oral?



Maria dos Reis Pereira*, Nuno das Neves Rosa, Marlene Tourais de Barros, Maria José Correia

Universidade Católica Portuguesa (UCP)

Objetivos: Catalogar as proteínas identificadas em estudos in vitro produzidas por bactérias da cavidade oral e depositar a informação obtida na base de dados OralOme que suporta a ferramenta bioinformática OralCard.

Materiais e métodos: Foi realizado o levantamento das bactérias presentes na cavidade oral, por consulta dos resultados do Human Microbiome Project (HMP). Foi realizada a pesquisa bibliográfica usando o nome de cada microrganismo obtido, seguido de "proteom*", no repositório de citações PubMed (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>). Foram selecionados os artigos referentes a estudos de identificação das proteínas microbianas in vitro, e feito o levantamento das proteínas verificadas experimentalmente. Todas as identificações foram registadas com um código Uniprot - Uniprot Knowledgebase seguindo-se a anotação das proteínas usando a ferramenta bioinformática STRAP (Software Tool for Researching Annotations of Proteins).

Resultados: Foram consideradas 448 espécies bacterianas da cavidade oral. O número de estudos que cumpriram os critérios de inclusão nesta análise foi de 79. Nesses estudos foram identificadas 9818 proteínas adicionadas à base de dados OralOme. Das proteínas obtidas, a grande maioria pertence ao género *Streptococcus* e à espécie *Porphyromonas gingivalis*. Globalmente, a maioria das bactérias para as quais há proteínas identificadas, estão envolvidas em patologias orais (ex: Periodontite) e sistémicas (ex: Meningite). A anotação das proteínas bacterianas, apesar de pouco específica, revelou proteínas intervenientes em processos celulares como invasão dos tecidos do hospedeiro, modulação do sistema imunitário,

degradação da matriz extra-celular, proteínas com atividade antimicrobiana e ainda a presença de toxinas e leucotoxinas.

Conclusões: A quantidade de proteínas potencialmente expressas in vivo pelas bactérias presentes na cavidade oral é muito maior que a atualmente identificada nos estudos de metaproteómica de amostras salivares e outros tecidos orais, ficando ainda aquém do potencial estimado de codificação das bactérias da cavidade oral. As bactérias para as quais existe mais informação em termos de proteómica são espécies associadas a patologias humanas orais ou sistémicas. A anotação das proteínas bacterianas é ainda pouco específica havendo muitas proteínas cuja classificação ontológica apresenta designações pouco informativas. A base de dados OralOme foi atualizada e passou a disponibilizar toda a informação obtida neste estudo à comunidade científica de forma interativa através do OralCard.

<http://dx.doi.org/10.1016/j.rpemd.2013.12.006>

I-6. Oraloma da Diabetes Melitos tipo 1 e 2 - um estudo comparativo



Vítor Daniel Moreira Brás*, Maria José Correia, Nuno das Neves Rosa, Marlene Tourais de Barros

Universidade Católica Portuguesa (UCP)

Objetivos: Comparar os oralomas da Diabetes Melitos tipo 1 e tipo 2, com recurso a inferência estatística e técnicas de análise in silico, tendo por base dados de estudos de proteómica da cavidade oral. Atualização dos dados de DMT1 e DMT2 na ferramenta OralCard.

Materiais e métodos: Realizou-se uma revisão bibliográfica dos estudos de proteómica da cavidade oral em pacientes com DMT1 e DMT2 utilizando o repositório de citações Pubmed. Dos artigos seleccionados foram anotadas todas as proteínas mencionadas e o respetivo código Uniprot por forma a estabelecer o OralOme dos dois tipos de Diabetes Melitos. Estes resultados foram confrontados com a informação existente na ferramenta OralCard e as proteínas novas foram adicionadas à base de dados que a suporta, o OralOme. Foi utilizada a ferramenta bioinformática PANTHER para caracterizar os dois Oralomas segundo ontologias e compará-las. Os dados provenientes desta caracterização foram comparados através de um cálculo de diferença fraccional e com recurso a um teste binomial foi calculada a significância estatística (p-value) de cada comparação. As interações proteicas presentes em cada oraloma foram interpretadas com recurso à ferramenta STRING. Foi igualmente realizada uma pesquisa bibliográfica de estudos de microbiologia oral de pacientes com DMT1 e DMT2, os resultados dos estudos foram anotados e comparados.

Resultados: Foram anotadas 503 proteínas no Oraloma da DMT2 com base em 12 artigos científicos, e 34 no Oraloma da DMT1 a partir de 8 artigos científicos. Foram adicionadas 58 proteínas ao oraloma da DMT2 e 20 proteínas no oraloma de DMT1. O oraloma da DMT1 afecta 21 vias de sinalização e 10 processos biológicos. O oraloma da DMT2 afecta 8 vias de sinalização e 14 processos biológicos. Todos os valores registados no oraloma da DMT1 são superiores aos expetáveis em