

Validação de genes prospectados computacionalmente após transcriptoma de pacientes com diabetes, dislipidemia e periodontite

Bárbara Roque da SILVA, Rosana VERONEZE, Sâmia Cruz Tfaile CORBI,
Cláudia Vianna MAURER-MORELLI, Silvana Regina Perez ORRICO, Joni Augusto CIRELLI,
Fernando José VON ZUBEN, Raquel Mantuaneli SCAREL CAMINAGA

Introdução: A Periodontite (P) é uma doença inflamatória multifatorial desencadeada por disbiose de periodontopatógenos e influenciada por doenças sistêmicas como o Diabetes Mellitus tipo 2 (DM2) e Dislipidemia (DisLip), assim como herança genética. O transcriptoma de linfócitos de 6 pacientes com combinações diferentes de DM2, DisLip e P foi analisado pelo método de análise de dados Association Rule Mining (ARM), que também considerou características clínicas dos pacientes. **Objetivo:** O objetivo deste estudo foi verificar se genes diferencialmente expressos (DEGs) que foram prospectados computacionalmente, são validados por RT-qPCR (transcriptase reversa-reação em cadeia da polimerase quantitativa) em maior número de pacientes. **Metodologia:** Nesta validação, 143 pacientes foram submetidos a exames bioquímicos e periodontal completo, divididos em: Grupo 1 (n=28): DM2 descompensado + DisLip + P; Grupo 2 (n=29) DM2 compensado + DisLip + P; Grupo 3 (n=29) DisLip + P; Grupo 4 (n=29) somente P e Grupo 5 (n=28) controle saudável. RNA foi extraído de leucócitos circulantes e utilizado para sintetizar cDNA. O método ARM aplicado ao transcriptoma prévio identificou como super-expressos os genes: CDC42SE2 (Grupo 1), CFLAR (Grupo 2), PDPR (Grupo 3), CLECL1 (Grupo 4) e MEF2C (Grupo 5). A expressão destes genes foi investigada nos 143 pacientes por RT-qPCR (sistema TaqMan), normalizados pelo gene GAPDH. **Resultados:** Dos genes avaliados, aqueles investigados nos Grupos 1, 3, 4 e 5 foram validados, sendo os genes CLECL1 e MEF2C validados conforme prospectado na avaliação computacional. **Conclusão:** Conclui-se que dos 5 genes prospectados como diferencialmente expressos, 4 deles foram validados por RT-qPCR como significantemente diferentes do grupo controle.

DESCRITORES: Expressão gênica; biologia computacional; periodontite.