SUIO Sociedad Uruguaya de Investigación Odontológica

Odontoestomatología
DOI: 10.22592/ode2026nesp1e753

Variabilidad del gen SPA-P como potencial biomarcador de virulencia de Streptococcus Mutans en caries infantil

INVESTIGACIÓN

Variability of the SPA-P gene as a potential biomarker of Streptococcus Mutans virulence in childhood caries

Resumen

Objetivos: Evaluar las asociaciones entre los haplotipos del gen spa-P de S. mutans, la carga bacteriana (UFC/mL), el índice de higiene oral (IHO), la experiencia de caries (ceod+-CPOD) y el componente caries (c+C) en niños.
Metodología: Se incluyeron 51 individuos. Se extrajo ADN de cepas de S. mutans de saliva estimulada y se secuenció el gen spa-P. Se realizó un análisis descriptivo de las variables clínicas, microbiológicas y genéticas. Se utilizaron modelos lineales generalizados para evaluar la asociación entre los índices ceod+CPOD, c+C, IHO, UFC/mL $>10^4$ y los haplotipos de S. mutans, expresando los resultados en razones de tasas de incidencia (IRR) e IC95%. Las asociaciones se validaron mediante el test exacto de Fisher.
Resultados: Se espera que los 3 materiales exhiban propiedades fisicoquímicas y biológicas similares. Este estudio aportará evidencia científica sobre un material de uso clínico activo con escasa caracterización, contribuyendo a la validación de su potencial como biomaterial odontológico. El promedio de ceod+CPOD fue 6,35 ± 4,79. Se identificaron 30 haplotipos del gen spa-P, el 4 fue el más frecuente, compartido por cepas de 9 niños. No se detectaron asociaciones significativas entre los haplotipos del gen spa-P con UFC/mL (p = 0.225), con ceod+CPOD (p = 0.833), y con c+C (p = 0.294). Los niveles de UFC/mL tienen una asociación positiva, no significativa con mayores valores de ceod+CPOD (IRR=1.34; IC95%:0.732-2.42) y mayor número del componente caries (IRR=1.32; IC95% 0.66-2.57). El c+C estaría más relacionado con el IHO (IRR=2.17; IC95% 1.11-4.22; p < 0.05).
Conclusiones: Los resultados revelaron una alta diversidad genética del gen spa-P en S. mutans sin observarse asociaciones significativas, con la experiencia de caries y los niveles de UFC/mL. Además, se destaca la influencia del componente c+C que muestra correlación significativa con el índice de higiene oral.

AUTORÍA

Fabiana Carletto Körber [1]
German Alexis Gonzalez[2]
Noelia Vega[3]
María Acosta Jofre [1]
Juan Enrique Martínez [1]
María G. Jiménez [3]
Lila Susana Cornejo[1]
Raúl González Ittig [2 3]

1 Facultad de Odontología, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina.
2 CONICET, Córdoba, Argentina.
3 Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina.

CC BY

Palabras clave: gen spa-P, Streptocuccus mutans, caries

DOI: 10.22592/ode2026nesp1e753

Resume

Objective: To evaluate the associations between S. mutans spa-P gene haplotypes, bacterial load (CFU/mL), the Oral Hygiene Index (OHI), caries experience (dmft+DMFT), and the caries component (d+D) in children.
Methods: A total of 51 patients were included in the study. DNA was extracted from S. mutans strains isolated from stimulated saliva, and the spa-P gene was sequenced. A descriptive analysis of the clinical, microbiological, and genetic variables was conducted. Generalized linear models were used to assess the association between the dmft+DMFT, d+D, OHI, and CFU/mL $>10^4$ indices and S. mutans haplotypes, with results expressed as incidence rate ratios (IRR) and 95% CI. The associations were validated using Fisher's exact test.
Results: The mean dmft+DMFT value was 6.35 ± 4.79. Thirty haplotypes of the spa-P gene were identified, with haplotype 4 being the most common, shared by strains from 9 children. No significant associations were detected between the haplotypes of the spa-P gene and CFU/mL ($p = 0.225$), dmft+DMFT ($p = 0.833$), or d+D ($p = 0.294$). CFU/mL levels were positively but not significantly associated with higher dmft+DMFT values (IRR=1.34; 95% CI: 0.732–2.42) and a higher caries component score (IRR=1.32; 95% CI: 0.66–2.57). The d+D component was more strongly associated with the OHI (IRR = 2.17; 95% CI 1.11–4.22; $p < 0.05$).
Conclusions: The results revealed a high genetic diversity of the spa-P gene in S. mutans, with no significant associations observed with caries experience or CFU/mL levels. Furthermore, the influence of the d+D component is highlighted, as it shows a significant correlation with the oral hygiene index.

Key Words: spa-P gene, Streptococcus mutans, caries