

0,045). Setenta e dois por cento das crianças no GCB, 69% no GC1 e 62% no GC2 tiveram pontuação acima do percentil 75 ($P=0,716$). Ajustando para a classe socioeconômica (baixa: $\beta= -20,5$; $P<0,001$; média: $\beta= -9,3$; $P=0,019$), o GC1 apresentou pontuação mais alta apenas comparado ao GCB ($\beta= -12,6$; $P=0,035$). Não houve efeito de grupo nos modelos de regressão múltipla ao considerar, além da classe socioeconômica, qualquer uma das variáveis a seguir: educação materna em anos de estudo, IMC pré-gestacional em kg/m^2 e tempo de amamentação em meses. A classe socioeconômica foi a única covariável permanente em todos os modelos. Conclusões: A DGYR prévia à gestação não foi associada com a inteligência fluida na prole. Apoio: CNPq, FINE-HCPA. Unitermos: Cirurgia bariátrica; Gestação; Matrizes progressivas de Raven.

P1184

Perfil de expressão de microRNAs na doença renal do diabetes: um estudo de caso-controle e análise de bioinformática

Felipe Mateus Pellenz, Daisy Crispim, Mariana Recamonde-Mendonza, Aline R. Costa, Márcia Puñales, Balduino Tschiedel, Luís H. Canani, Andrea Carla Bauer, Tais S. Assmann - HCPA

Introdução: A doença renal do diabetes (DRD) é uma complicação microvascular crônica do diabetes mellitus (DM) que acomete aproximadamente 40% dos pacientes com essa doença. A DRD é a principal causa de doença renal terminal em pacientes que iniciam a terapia de substituição renal, contribuindo para o aumento da morbidade e mortalidade entre os pacientes com DM. MicroRNAs (miRNAs) são pequenas moléculas de RNA não-codificantes que regulam a expressão gênica de 60% dos genes codificadores de proteínas. Estudos recentes identificaram perfis alterados de expressão de diversos miRNAs em pacientes com DRD comparados a pacientes diabéticos sem essa complicação; entretanto, os resultados são ainda inconclusivos. **Objetivo:** Investigar um perfil de expressão de miRNAs no plasma de pacientes com DM tipo 1 (DM1) com DRD (casos) comparado com pacientes com DM1 sem DRD (controles) e realizar análises de bioinformática para avaliar potenciais genes alvos dos miRNAs alterados. **Métodos:** A expressão de 48 miRNAs foi investigada no plasma de 23 pacientes com >10 anos de DM1 e sem DRD (controles) e 35 pacientes com DRD (casos; 18 pacientes com DRD moderada e 17 com DRD severa), através da técnica de microarray [TaqMan Low Density Array Cards (Thermo Fisher Scientific)]. Posteriormente, 5 miRNAs diferencialmente expressos nos casos foram escolhidos para validação em uma amostra independente [10 controles e 19 casos (10 com DRD moderada e 9 com DRD severa)], utilizando-se a técnica de qPCR. A DRD foi classificada utilizando os níveis de albuminúria e a taxa de filtração glomerular estimada pela equação CKD-EPI. **Resultados:** Na análise de microarray, 9 miRNAs foram diferencialmente expressos em pacientes com DRD comparados aos controles. A análise de validação por qPCR confirmou a expressão aumentada dos miR-21-3p e miR-378a-5p e a expressão diminuída dos miR-16-5p e miR-29a-3p nos pacientes com DRD severa comparado aos controles ($p \leq 0,05$). A expressão desses 4 miRNAs em pacientes com DRD moderada não diferiu em relação aos controles. A associação do miR-503-5p com DRD não foi confirmada na amostra de validação. Análises de bioinformática demonstraram que os 4 miRNAs alterados em pacientes com DRD, tanto na amostra do microarray como na de validação por qPCR, regulam genes das vias de sinalização PI3K/Akt, longevidade, TGF- β 1 e relaxina, indicando que esses miRNAs podem ter um papel importante na patogênese da DRD. **Unitermos:** Doença renal do diabetes; Expressão de microRNAs; Análise de bioinformática.

P1185

O polimorfismo -866G/A no gene UCP2 está associado com uma menor perda de peso em pacientes com obesidade grave submetidos à cirurgia bariátrica

Elis Assis Rossoni, Mayara Souza de Oliveira, Michelle Rodrigues de Oliveira, Jakeline Rheinheimer, Denise Alves Sortica, Rogério Friedman, Manoel Roberto Maciel Trindade, Milene Moehlecke, Daisy Crispim, Bianca Marmontel de Souza - HCPA

Introdução: A obesidade é uma doença crônica resultante de um desequilíbrio entre a ingestão de energia e o gasto energético, sendo desencadeada pela complexa interação entre fatores genéticos e ambientais. A proteína desacopladora 2 (UCP2) está localizada na membrana mitocondrial interna e atua dissipando o gradiente de prótons da cadeia respiratória mitocondrial, diminuindo a produção de ATP e, conseqüentemente, influenciando o gasto energético. Dessa forma, polimorfismos no gene UCP2 são candidatos para contribuir para a obesidade e perda de peso pós-cirurgia bariátrica (CB). De fato, diversos estudos associaram polimorfismos no gene UCP2 com obesidade; entretanto, suas associações com perda de peso pós-CB são ainda inconclusivas. **Objetivo:** Comparar a perda de peso entre pacientes com obesidade grave e os diferentes genótipos do polimorfismo -866G/A no gene UCP2 após 6 e 12 meses da CB. **Métodos:** Cento e quarenta pacientes com obesidade grave que realizaram CB no HCPA foram avaliados quanto ao peso pré-, 6 e 12 meses pós-CB para cálculos de índice de massa corporal (IMC), % de perda de peso, excesso de peso e % de perda de excesso de peso. Todos os pacientes passaram por uma avaliação clínica e laboratorial padrão e assinaram o termo de consentimento livre e esclarecido. A genotipagem do polimorfismo -866G/A (rs659666) no gene UCP2 foi realizada através de ensaio de discriminação alélica por PCR em Tempo Real. **Resultados:** Pacientes com genótipo A/A apresentaram um maior IMC após 6 e 12 meses da CB quando comparados com pacientes com o genótipo G/G (6 meses: $39,9 \pm 7,1$ vs. $35,9 \pm 6,7$, $p= 0,034$; 12 meses: $36,4 \pm 8,6$ vs. $32,1 \pm 5,5$, $p= 0,019$, respectivamente). Além disso, a % de perda de excesso de peso 6 e 12 meses pós-CB foi menor em pacientes com o genótipo A/A comparados com o genótipo G/G (6 meses: $47,1 \pm 12,9$ vs. $56,5 \pm 16,3$, $p= 0,023$; 12 meses: $60,7 \pm 18,6$ vs. $71,5 \pm 17,6$, $p= 0,025$). Perfil lipídico, glicêmico, % de massa magra, % de massa gorda e taxa metabólica de repouso não diferiram entre os diferentes genótipos do polimorfismo estudado nos tempos pré-, 6 e 12 meses pós-CB. **Conclusão:** O polimorfismo -866G/A no gene UCP2 parece estar associado com uma menor perda de peso pós-CB numa população do sul do Brasil. **Unitermos:** Cirurgia bariátrica; UCP2; Polimorfismo de DNA.

P1186

Investigação da expressão de UCP2 no tecido adiposo subcutâneo de pacientes com diferentes graus de obesidade e indivíduos eutróficos

Mayara Souza de Oliveira, Michelle Rodrigues de Oliveira, Jakeline Rheinheimer, Milene Moehlecke, Manoel Roberto Maciel Trindade, Cristiane Bauermann Leitão, Daisy Crispim, Bianca Marmontel de Souza - HCPA

Introdução: A obesidade é uma doença crônica resultante de um desequilíbrio entre a ingestão de energia e o gasto energético e é desencadeada pela complexa interação entre fatores genéticos e ambientais. A proteína desacopladora 2 (UCP2) está localizada na membrana mitocondrial interna e atua dissipando o gradiente de prótons da cadeia respiratória mitocondrial, diminuindo a produção de ATP e, conseqüentemente, influenciando o gasto energético. Dessa forma, o gene UCP2 é um gene candidato para contribuir à

patogênese da obesidade. De fato, os poucos estudos que avaliaram a expressão do gene UCP2 no tecido adiposo sugerem que este gene pode estar alterado em pacientes com obesidade; no entanto, os resultados são ainda controversos. Objetivo: Comparar a expressão de UCP2 em tecido adiposo subcutâneo de pacientes com diferentes graus de obesidade e indivíduos eutróficos, bem como correlacionar a expressão desse gene com variáveis antropométricas, laboratoriais e de composição corporal. Métodos: O tecido adiposo subcutâneo foi coletado de pacientes do HCPA, os quais foram divididos em três grupos de acordo com o índice de massa corporal (IMC): 1) obesidade grave (IMC ≥ 40 kg/m²; n = 21), 2) obesidade leve a moderada (IMC: 30-39,9 kg/m²; n = 24) e 3) eutróficos (IMC: ≤ 25 kg/m²; n = 12). Todos os pacientes passaram por uma avaliação clínica e laboratorial padrão e assinaram o termo de consentimento livre e esclarecido. A expressão do gene UCP2 foi avaliada por qPCR (método $\Delta\Delta Cq$), tendo como gene de referência o beta-actina. Resultados: A expressão de UCP2 não diferiu significativamente no tecido subcutâneo dos pacientes dos três grupos avaliados (p $\geq 0,05$). Na amostra total, a expressão de UCP2 correlacionou-se negativamente com as pressões arteriais sistólica (r = -0,281/ p = 0,034) e diastólica (r = -0,288/ p = 0,030) e positivamente com os níveis de adiponectina (r = 0,295 / p = 0,030). Conclusão: Apesar da expressão de UCP2 não ter diferido no tecido subcutâneo entre os diferentes grupos, esta foi correlacionada com pressão arterial e níveis de adiponectina. Unitermos: IMC; UCP2; Adiponectina.

P1230

Avaliação do desempenho do teste albumina glicada na detecção de diabetes melito pós-transplante renal

Ana Laura Pimentel, Mayana Kieling Hernandez, Priscila Aparecida Correa Freitas, Fernando Chimela Chume, Joiza Lins Camargo - HCPA

Introdução: Diabetes melito pós-transplante (DMPT) é um tipo específico de diabetes (DM) desencadeado pelo uso de medicamentos imunossupressores. Sua ocorrência após transplante renal está associada com maior risco de desfechos adversos. O teste oral de tolerância à glicose (TOTG) e a hemoglobina glicada (HbA1c) são os testes laboratoriais recomendados para seu diagnóstico. Este último, apesar de amplamente utilizado na população em geral, pode sofrer interferência de fatores específicos do período recente após o transplante, como diálise, uso de eritropoietina e anemia severa. Nos últimos anos, o teste albumina glicada (AG) tem sido avaliado como ferramenta alternativa no diagnóstico de DM. A albumina é uma proteína plasmática que sofre glicação, assim como a HbA1c, mas seus níveis não são influenciados pela produção e tempo de meia-vida dos eritrócitos. Não há estudos na literatura que avaliem o uso de AG em receptores de transplante renal. Objetivo: Avaliar o desempenho do teste AG no rastreamento e diagnóstico de DMPT aos 4 meses pós-transplante renal. Métodos: Estudo transversal de acurácia diagnóstica que incluiu pacientes sem DM prévio que realizaram transplante renal no HCPA entre 2012 e 2015. Os indivíduos realizaram TOTG e a HbA1c foi mensurada. Os pontos de corte recomendados pela American Diabetes Association (ADA) foram utilizados como referência. A avaliação do desempenho do teste AG foi realizada pela curva ROC. O nomograma de Fagan foi utilizado, considerando a probabilidade pré-teste de 20% para DMPT. Resultados: 134 indivíduos foram incluídos (53% homens, 46,1 \pm 13,2 anos). Trinta e três desenvolveram DMPT pelos critérios da ADA. O ponto de AG com melhor equilíbrio entre sensibilidade (S) e especificidade (E) foi 15,6% (S de 63,6% e E de 63,4%). A área sob a curva foi 0,673 (IC 95% 0,557-0,789). AG $\geq 17\%$ apresentou E perto de 90%: o uso deste ponto de corte isolado diagnosticaria 25 pacientes com DMPT; dentre eles, 13 foram de fato diagnosticados pelos testes tradicionais. Considerando a probabilidade pré-teste para DMPT de 20% e a razão de verossimilhança positiva de 3,06 para AG $\geq 17\%$, a probabilidade pós-teste subiu para 50%. Conclusões: O teste AG apresentou desempenho moderado na identificação de DMPT renal utilizando TOTG e/ou HbA1c como referência, indicando que o uso de um ponto de corte único não é adequado para rastreamento e diagnóstico de DMPT. AG $\geq 17\%$ apresentou alta especificidade para confirmar a presença de DMPT neste estudo. Unitermos: Albumina glicada; Diabetes Melito pós-transplante; Transplante renal.

P1279

Medicina personalizada: a relação do polimorfismo RS1990760 (C/T) do gene IFIH1 com proteção para o desenvolvimento de hipertensão arterial em pacientes com Diabetes tipo 1

Débora Kempf da Silva, Gustavo Cipriani, Ticiano da Costa Rodrigues, Daisy Crispim, Ana Paula Bouças - HCPA

Introdução: o polimorfismo rs1990760 do gene IFIH1 tem sido associado com a presença de diabetes melito tipo 1 (DM1) e seu alelo T parece estar associado à proteção para a presença de hipertensão arterial em pacientes com DM1. Propomos investigar a associação deste polimorfismo com a presença de HAS avaliada através da monitorização ambulatorial da pressão arterial (MAPA), em pacientes com DM1, acompanhados no ambulatório de diabetes do HCPA. Métodos: Entre os pacientes com o polimorfismo analisado, 126 deles realizaram um exame de MAPA. Os pacientes foram estratificados de acordo com os genótipos (C/C, C/T e T/T) e analisados através de modelos de herança dominante, recessivo e aditivo quanto aos valores da MAPA. Resultados: no modelo recessivo, os pacientes portadores do alelo T em homozigose (TT) apresentam menor associação com a presença de hipertensão arterial detectada pela MAPA (29,0% vs. 56,8% p=0,007), especialmente no período do sono (25,8% vs. 54,7%, p=0,005), menores níveis de pressão arterial diastólica noturna (64,3mmHg \pm 8,8 vs. 69mmHg \pm 9,1, p=0,02) e maior frequência do descenso noturno sistólico fisiológico (48,4% vs. 28,3%, p=0,04) em relação aos que apresentavam genótipo CC e CT. Estas alterações permaneceram significativas após ajustes para tempo de diabetes e níveis de hemoglobina glicada (OR 0,72; IC 95% 0,10-0,72; p=0,009). A presença do alelo T em homozigose esteve associada a uma redução absoluta de 5,15 mmHg \pm 1,95 na pressão arterial diastólica do grupo estudado (p=0,01), sendo que a covariável de hemoglobina glicada também exerce efeito significativo nesse resultado. Conclusão: Os pacientes com DM1 portadores dos genótipos TT para o polimorfismo rs1990760 apresentaram medidas mais baixas de PA, com preservação do descenso noturno. A utilização da MAPA adicionou a avaliação do estudo da PA noturna e mostrou superioridade em relação às medidas de consultório no presente estudo. Unitermos: Diabetes Melito tipo 1; Polimorfismo RS1990760; Monitorização ambulatorial da pressão arterial de 24h.

P1297

O impacto da estimulação transcraniana por corrente contínua associada a dieta hipocalórica sobre o perfil de humor e de qualidade de vida de indivíduos com sobrepeso e obesidade

Gabriella Richter da Natividade, Carina de Araujo, Raquel Crespo Fitz, Paula Nunes Merello, Ricardo Marques Nader, Amanda Farias Osório, Vitória Marques Brito, Pedro Schestatsky, Fernando Gerchman - UFRGS

Introdução: A estimulação transcraniana por corrente contínua (ETCC) é uma técnica não invasiva de neuroestimulação que vem sendo amplamente estudada em diversos contextos, como as desordens alimentares e psiquiátricas. A ETCC consiste na aplicação