

2395

AVALIAÇÃO DE CARACTERÍSTICAS CLÍNICAS NOS DIFERENTES TIPOS DE PARKINSONISMO ATÍPICO

CATEGORIA DO TRABALHO: PESQUISA

Paula Fuhr, Amanda Pasqualotto, Cíntia Costa Medeiros Martins, Matheus Zschornack Strelow, Carlos Roberto de Mello Rieder, Marina Siebert, Ida Vanessa Doederlein Schwartz, Artur Francisco Schumacher Schuh

HOSPITAL DE CLÍNICAS DE PORTO ALEGRE

INTRODUÇÃO: O Parkinsonismo atípico (PA) refere-se ao conjunto de doenças que se apresentam com manifestações clínicas de uma síndrome parkinsoniana associada a outros sinais e sintomas distintivos dos sintomas cardinais (tremor, rigidez, bradicinesia e instabilidade postural) encontrados na Doença de Parkinson, a exemplo de alterações cerebelares e autonômicas. Esse conjunto de doenças é composto por Atrofia de Múltiplos Sistemas (AMS), Demência de Corpúsculos de Lewy (DCL), Degeneração Corticobasal (DCB) e Paralisia Supranuclear Progressiva (PSP). **OBJETIVO:** O objetivo deste estudo é avaliar as características clínicas nos diferentes tipos de Parkinsonismo Atípico. **MÉTODOS:** 12 pacientes com atendimento regular no ambulatório de Distúrbios do Movimento do Hospital de Clínicas de Porto Alegre com critério de diagnóstico prévio de PA foram selecionados, sendo 6 com AMS, 2 com DCB, 3 com DCL e 1 com PSP. Os pacientes foram submetidos a uma entrevista estruturada através da aplicação de escalas para coleta de dados clínicos e demográficos. A aprovação do Comitê de Ética: CAAE 286171831001532. **RESULTADOS:** No exame neurológico encontramos os testes de disartria e fonação alterados em 5 pacientes com AMS, assim como o teste de elevação do palato esteve alterado em 3 pacientes com AMS. Nistagmo esteve alterado em 3 pacientes, 2 com AMS e 1 com DCL. O teste de reflexo glabellar esteve alterado em 2 pacientes com DCL e em 4 pacientes com AMS. Os pacientes com DCB foram os que tiveram maior pontuação total na MDS-UPDRS (156), enquanto o paciente com PSP teve a menor (47). A média dos pacientes com AMS foi de 117, dos pacientes com DCL foi 142,3. Também aplicamos o questionário MoCA, obtendo as seguintes médias: média dos pacientes com AMC de 21,8, com DCL de 11, com PSP de 20 e com DCB de 6. **CONCLUSÃO:** Nossos resultados relataram as diferenças entre os tipos de parkinsonismo e seus sinais. Todos os pacientes com AMS apresentaram alteração nos testes de disartria e fonação, o que pode ser utilizado na distinção clínica entre os PA. Demonstramos que os pacientes com DCL e DCB apresentaram a menor média no MoCA em comparação com os outros PA, porém o número limitado de pacientes limita uma avaliação pormenorizada.

2482

IDENTIFICAÇÃO DOS GENES NT5E (CD73) E ENTPD1 (CD39) COMO ALVOS MOLECULARES EM EPENDIMOMAS.

CATEGORIA DO TRABALHO: PESQUISA

Rodrigo Mallosto de Resende Urbano, Alana Ambos Freitas, Marco Antonio Stefani, Apio Antunes, Jorge Wladimir Junqueira Bizzi, Elizandra Braganhol

HOSPITAL DE CLÍNICAS DE PORTO ALEGRE

Introdução: o gene NT5E codifica a proteína CD73, a qual é uma proteína de membrana celular que apresenta maior expressão em diversos tumores. A elevada expressão de CD73 na membrana celular permite o surgimento de mecanismos de escape imunológico que levam ao crescimento tumoral. Terapias alvo contra o CD73 já demonstraram efetividade no manejo de alguns tumores. Estudos anteriores relataram que o CD73 participa das interações célula-célula e célula-matriz e implica na resistência aos medicamentos. O gene ENTPD1 codifica a proteína CD39, uma enzima de superfície celular típica. CD73 em conjunto com CD39 geram uma cascata ectoenzimática, que pode impedir o sistema imune de inibir a progressão tumoral. **Justificativa:** com base em evidências já presentes na literatura, nós perguntamos se os níveis transcricionais dos genes NT5E (CD73) e ENTPD1 (CD39) estão aumentados em ependimomas, e se isto está associado a uma diminuição da sobrevida de pacientes. **Objetivos:** a identificação dos genes tem como objetivo encontrar novos alvos moleculares promissores para fins terapêuticos, ou como marcadores diagnósticos ou prognósticos para ependimomas. **Metodologia:** a expressão por mRNA dos genes alvos em todas as amostras foi normalizada dentro da R2: Plataforma de Análise e Visualização Genômica e apresentada em formato de gráfico como log2 transformado a partir da intensidade do sinal. Os subgrupos foram comparados usando um teste de Kruskal-