

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 ($p < 0,05$). 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