

detectados por LC-MS/MS. Após análise estatística, 30 peptídeos foram identificados como diferencialmente abundantes entre os grupos analisados e somente 13 peptídeos permaneceram associados após correção por false discovery rate ($p < 0,05$). Destes, 8 peptídeos eram oriundos da proteína alfa-1-antitripsina, 2 do colágeno tipo 1 e 3 peptídeos oriundos do inibidor de C1, alfa-1-glicoproteína e transtirretina. As sequências dos 13 peptídeos foram analisadas para predição de proteases envolvidas na sua formação utilizando o software Proteasix. Sete proteases foram presumivelmente responsáveis pela formação dos 13 peptídeos diferencialmente abundantes na urina, sendo elas: metaloprotease 1 (MMP1), MMP7, MMP8, MMP9, MMP11, MMP25 e catepsina L. Conclusão: A identificação da desregulação das metaloproteases confirma o papel do desequilíbrio da degradação do colágeno e processos fibróticos na DRD. Dessa forma, é oferecida uma nova abordagem para a interpretação da peptidômica urinária integrada à predição de eventos proteolíticos ligados à DRD. Unitermos: Peptidômica urinária; Doença renal do diabetes; Proteases.

P1914

A nova equação FAS subestima marcadamente a taxa de filtração glomerular em indivíduos saudáveis

Luís Afonso Tochetto, Luíza C. Fagundes, Indianara F. Porgere, Priscila Aparecida Correia Freitas, Letícia de Almeida Brondani, Sandra P. Silveiro - UFRGS

Introdução: As diretrizes de nefrologia recomendam a realização da estimativa da taxa de filtração glomerular (TFG) com o uso de equações que empregam creatinina, cistatina C ou ambas em combinação. A equação Chronic Kidney Disease Epidemiology (CKD-EPI) tem sido a mais investigada. No entanto, recentemente a equação Full Age Spectrum (FAS) foi desenvolvida com o objetivo de ampliar o espectro de aplicação da equação para todas as faixas etárias. **Objetivo:** Avaliar a concordância das equações CKD-EPI e FAS, empregando creatinina e cistatina C simultaneamente (CKDE-P1cc e FAScc) em indivíduos saudáveis. **Métodos:** Estudo transversal que avaliou indivíduos saudáveis. A TFG foi estimada pelas fórmulas CKD-EPI e FAS. A creatinina sérica foi medida com método Jaffe compensado rastreável e a cistatina C com imunoturbidimetria rastreável. Análise estatística incluiu análise de concordância de Bland & Altman. **Resultados:** Foram avaliados 94 indivíduos, 41 mulheres (44%), 80 brancos (87%), índice de massa corporal (IMC) 25 ± 3 Kg/m² e idade 38 ± 13 anos. As equações CKD-EPIcc e FAScc apresentaram uma correlação muito forte e significativa ($r=0,958$, $p < 0,01$). Entretanto, a média dos valores de TFG avaliadas pela FAScc foram significativamente mais baixas do que a CKD-EPIcc (85 ± 16 mL/min/1,73m² vs. 107 ± 19 mL/min/1,73m², $p < 0,001$, respectivamente). Esses achados se mantiveram mesmo quando os indivíduos foram estratificados por gênero, idade (>45 anos) e IMC (>25 Kg/m²). **Conclusão:** A equação FAScc subestima marcadamente a TFG em indivíduos saudáveis em contraste com a CKD-EPIcc que expressa valores comparáveis aos descritos com métodos de referência da medida da TFG com substâncias exógenas. **Unitermos:** Cistatina C; Taxa de filtração glomerular; Full Age Spectrum.

P1956

Caracterização do receptor de estrogênio acoplado à proteína G GPR30/GPER em células e tecido tireoideanos

Patrícia de Araujo Manfro, Ana Paula Santin Bertoni, Tania Weber Furlanetto - HCPA

Introdução: O carcinoma diferenciado de tireoide apresenta uma incidência mais elevada em mulheres e é de conhecimento que o estradiol possui uma atividade mitogênica em células da tireoide. As respostas estrogênicas são tipicamente mediadas por receptores estrogênicos clássicos - isoformas α e β -, os quais já foram descritos em tecido tireoideano humano normal e anormal. Contudo, esses efeitos podem ser mediados pelo receptor de estrogênio acoplado à proteína G, chamado GPR30/GPER. **Objetivos:** Analisar a localização celular bem como a expressão gênica e proteica GPR30 e em células isoladas de tecido tireoideano normal ou tumoral. **Métodos:** Utilizamos imunocitoquímica de fluorescência, RT-qPCR e Western Blot para caracterização da localização, expressão gênica e proteica, respectivamente. Analisamos dados de expressão gênica do GPR30 do banco de dados público Gene Expression Omnibus (GEO; plataforma GSE33630) em amostras normais e em carcinoma papilífero de tireoide. Este estudo foi aprovado pelo Comitê de Ética do HCPA (GPPG: 12-0272). A comparação dos valores foi realizada por meio de um teste t-Student para dados independentes. Um nível de significância de $p < 0,05$ foi adotado e o programa estatístico SPSS 20.0 foi utilizado. **Resultados:** Demonstramos que as células tireoideanas normais e anormais apresentam expressão gênica e proteica para o GPR30 e que sua localização se encontra tanto no espaço perinuclear como na membrana celular destas células. Ainda, dados de expressão da plataforma GSE33630 demonstram diminuição significativa ($p < 0,0001$) do GPR30 em carcinoma papilífero da tireoide ($4,251 \pm 0,06045$; $n=49$) em relação a tecido normal ($4,906 \pm 0,0728$; $n=32$). **Conclusão:** As implicações fisiopatológicas da redução dos níveis do GPR30 são desconhecidas e nossos dados sugerem que estudos funcionais em relação ao GPR30 são necessários para determinar o seu papel em condições normais e anormais da tireoide. **Unitermos:** Tireoide; GPR30; Estrogênio.

P1992

Doença de Cushing no jovem e no adulto: características clínicas e bioquímicas de uma coorte retrospectiva

Rafael Borba de Melo, Maria Carolina Bittencourt da Costa, Camila Viecelli, Mauro Antonio Czepielewski - HCPA

Introdução: A síndrome de Cushing é um distúrbio raro, secundário à exposição prolongada a níveis elevados de glicocorticóides, podendo ser endógeno ou exógeno. A causa endógena mais frequente em pediatria a partir dos 5 anos é a Doença de Cushing (DC). A proporção entre os sexos difere entre a população pré-púbere e adulta, e a apresentação clínica pode ser distinta, o que representa um desafio no diagnóstico e no tratamento da população pediátrica. Apesar dessas diferenças, poucos trabalhos compararam os dados destes grupos. **Objetivos:** Comparar dados clínicos, epidemiológicos e bioquímicos de pacientes com mais ou menos de 20 anos, portadores de DC, acompanhados no Hospital de Clínicas de Porto Alegre (HCPA). **Métodos:** Análise retrospectiva de dados dos prontuários de pacientes com DC do HCPA. **Resultados:** De 149 pacientes avaliados, 20 possuíam idade menor ou igual a 20 anos. Nestes, a prevalência no sexo masculino foi maior (60% vs. 15%, $p < 0,001$). Quanto à apresentação clínica, a população com >20 anos teve maior frequência de hipertensão arterial (64% vs. 20%, $p = 0,001$) e diabetes melito (47 pacientes vs. nenhum, $p = 0,03$). Outros achados como plethora facial, estrias, acne, fraqueza proximal, gordura supraclavicular, índice de massa corporal e giba não tiveram diferença estatística. Com relação aos parâmetros bioquímicos ao diagnóstico, testes de cortisolúria, cortisol após 1 mg, 2 mg e 8 mg de dexametasona, cortisol sérico e salivar à meia noite, hormônio adrenocorticotrófico (ACTH) e sulfato de deidroepiandrosterona (SDHEA) não foram diferentes entre os grupos. Os níveis de HbA1c foram maiores no grupo com >20 anos do que nos mais jovens ($8,1\% \pm 2,76$ vs. $5,2\% \pm 0,2$; $p < 0,001$), o que condiz com a maior prevalência de diabetes na população adulta. Apesar de uma maior tendência a microadenomas nos mais jovens, não houve diferença estatística no tamanho tumoral quando comparados com os acima de 20 anos ($0,76\text{cm} \pm 0,4$ vs. $1,28\text{cm} \pm 0,92$, $p = 0,227$). Os desfechos pós-