

P1554**Utilização de bancos de dados populacionais para investigação da frequência das mucopolissacaridoses**

Pâmella Borges, Gabriela Pasqualim, Delva Leão, Ursula Matte - UFRGS

As doenças lisossômicas causadas pela acumulação de um ou mais tipos de glicosaminoglicanos são chamadas de mucopolissacaridoses (MPS). As MPS são multissistêmicas, crônicas e progressivas. Não existe cura para as MPS, mas existem tratamentos que melhoram a qualidade de vida dos pacientes. Os dados relativos à frequência são difíceis de obter, existindo dados de apenas alguns países e regiões. Os avanços nas tecnologias de sequenciamento possibilitaram a criação de bancos de dados populacionais. Esses bancos de dados oferecem informação valiosa sobre os padrões genéticos e podem ser usados para melhorar o entendimento da relação genótipo/fenótipo nas doenças. O grande número de dados gerados nesses sequenciamentos estimulou a criação de novas ferramentas que possibilitem a análise *in silico* dessas informações. No presente trabalho, as frequências das MPS foram calculadas a partir de dois bancos de dados populacionais disponíveis online: gnomAD e ExAC. Analisaram-se 16656 variantes, indo de 961 de MPS II até 2988 de MPS IVA. Essas variantes foram separadas por tipos, excluindo-se aquelas que foram encontradas em posições menos propensas a serem patológicas. Em seguida, todas as variantes presentes em homozigose foram retiradas, já que nenhum dos bancos de dados incluem amostras de pacientes de MPS ou outras doenças pediátricas graves. As variantes que permaneceram foram separadas para análises. Variantes de ponto na região codificante (stop gain, stop loss, start loss) foram classificadas como patogênicas; as de alteração de sítio de splice foram analisadas pelo Human Splicing Finder; as de frameshift e as deleções e inserções *in-frame* foram analisadas pelo SIFT Indel; as missense foram analisadas com cinco preditores e o consenso de no mínimo três programas foi considerado. Com os resultados dessas análises, a frequência alélica das variantes consideradas patogênicas foi usada para calcular a frequência das doenças utilizando a equação de Hardy-Weinberg. As frequências encontradas foram, para MPS I, MPS IIIA,B,C e D, MPS IVA e B, MPS VI, MPS VII e MPS IX, respectivamente: 1:18.289,86; 1:58.974,05; 1:101.350,40; 1:68.947,25; 1:263.641,49; 1:53.397,01; 1:69.648,95; 1:117.071,68; 1:137.218,05; 1:201.123,12. A frequência estimada para MPS II é incompatível com o observado na clínica. Porém, as frequências obtidas para as demais MPS seguiram o padrão esperado de apresentarem frequências maiores do que as apresentadas na literatura. Unitermos: Mucopolissacaridoses; Frequência; Bancos de dados.

P1565**Identificação de mutações novas no gene ABCD1 em pacientes com adrenoleucodistrofia ligada ao X**

Ana Carolina Silva Rodrigues-Farias, Fernanda dos Santos Pereira, Laura Bannach Jardim, Maria Luiza Saraiva-Pereira - HCPA

Adrenoleucodistrofia ligada ao X (X-ALD) é uma doença neurodegenerativa caracterizada por grande variabilidade de expressão clínica, cuja incidência estimada é de de 1:15.000 nascidos-vivos. Três fenótipos principais são claramente identificados entre os homens afetados: a forma cerebral (CALD) caracterizada por resposta inflamatória no SNC, a forma não inflamatória (AMN) e a insuficiência adrenal isolada (Addison-only). A X-ALD é causada por mutações no gene ABCD1 (ATP-Binding Cassette transporter subfamily D member 1), que está localizado no locus Xq28 sendo dividido em 10 éxons. Esse gene codifica uma proteína de membrana peroxissomal (ALDP) com 745 aminoácidos. As mutações nesse gene são associadas ao acúmulo de ácidos graxos de cadeia longa em todos os fluidos corporais e tecidos, mas principalmente no sistema nervoso e glândulas adrenais. Mais de 800 mutações foram descritas até o momento. O objetivo deste trabalho foi identificar as mutações responsáveis por casos novos de X-ALD e relacionar com os achados clínicos dos pacientes, visando a melhor compreensão da relação genótipo-fenótipo nessa doença. O grupo avaliado foi formado por pacientes não relacionados. O DNA foi isolado a partir do sangue periférico por metodologias padronizadas. As regiões codificantes do gene ABCD1 foram amplificadas por PCR usando primers específicos e submetidas ao sequenciamento de Sanger, seguido para eletroforese no analisador genético ABI3130xl. As variações de sequência encontradas foram comparadas ao banco de dados de X-ALD e análises "in silico" foram realizadas, quando necessário. Dos pacientes investigados, todos apresentaram mutações, sendo oito mutações diferentes (a mutação p.Arg518Gln foi em 2 famílias). Destas, três variações novas foram classificadas como patogênicas de acordo com as análises "in silico", sendo duas mutações de ponto (p.Leu94Pro e p.Pro484Leu) e uma mutação sem sentido (p.Gln544*), a qual produz uma proteína truncada devido à criação prematura de um códon de parada. As mutações encontradas podem resultar na redução da atividade da ATPase e em proteína não funcional. Os dados obtidos através deste estudo aumentam o conhecimento sobre as mutações no gene ABCD1 associadas ao fenótipo de X-ALD, contribuindo para a melhor compreensão da fisiologia da doença. Além disso, o trabalho permitiu acrescentar novos dados sobre as bases moleculares de X-ALD. Unitermos: Adrenoleucodistrofia ligada ao X; Gene ABCD1; Mutações.

P1621**Síndrome DICER1 – relato de um caso diagnosticado no ambulatório de oncogenética do Hospital de Clínicas de Porto Alegre**

Daniele Konzen, Cristina Brinckmann de Oliveira Netto, Patrícia Ashton-Prolla - HCPA

Paciente masculino atualmente com 12 anos, após iniciar investigação de sopro cardíaco aos 3 anos de idade, realiza raio X de tórax evidenciando opacidade pulmonar e desvio mediastinal; após longa investigação e tentativas de tratamento de pneumonia, é diagnosticado, no Hospital de Clínicas de Porto Alegre, com Blastoma Pleuropulmonar. Aos 8 anos, já fora de tratamento oncológico, paciente relata diminuição da acuidade visual e ao exame oftalmológico é observado estrabismo e leucocoria em olho esquerdo. Após exames complementares recebe diagnóstico de medulopitelioma intraocular. Pela observação da raridade dos tumores o paciente foi encaminhado ao ambulatório de oncogenética e em consulta com equipe foi referido história familiar de nódulos de tireoide nas duas irmãs de 17 e 14 anos e hipotireoidismo na mãe do paciente. Pela sua história pessoal e familiar foi aventada a hipótese diagnóstica de Síndrome DICER1 e foi solicitada análise molecular do gene DICER1, sendo identificada a variante germinativa patogênica c.757dupA (p.Ile253Asnfs*10) no éxon 7 do gene DICER1 em heterozigose confirmando o diagnóstico de Síndrome DICER1. Após entrega de resultados e aconselhamento genético foi solicitada a pesquisa de variante germinativa patogênica familiar para seus pais e irmãos, confirmando a presença da variante em sua mãe e nas duas irmãs. Variantes patogênicas germinativas no gene DICER1 causam uma síndrome de predisposição ao câncer e ao desenvolvimento de alterações benignas como cistos pulmonares, nefroblastoma cístico, hiperplasia nodular de tireoide entre outros; um dos tumores mais comumente envolvidos na síndrome é o blastoma pleuropulmonar, podendo ser diagnosticado no período neonatal. Tumores renais, ovarianos e de tireoide também são observados. O medulopitelioma intraocular aqui relatado é descrito em associação com a síndrome e foi relatado somente em outros 5 pacientes na literatura. A síndrome DICER1 tem herança autossômica dominante e penetrância

incompleta. O diagnóstico precoce da Síndrome DICER1 permite o adequado seguimento dos pacientes conforme faixa etária de aparecimento dos tumores; a detecção pré-sintomática dos tumores leva a uma diminuição das comorbidades decorrentes assim como da mortalidade. A possibilidade de realização de teste molecular em familiares em risco evita o fardo de uma possível rotina de seguimento desnecessária em pacientes que não herdaram a variante patogênica presente na família. Unitermos: DICER1; Oncogenética; Câncer hereditário.

P1636

Projeto 4 Gerações - avaliação da herdabilidade do comprimento telomérico ao longo de quatro gerações e sua influência na longevidade - dados preliminares

Carolina Pacheco da Silva, Isabel Cristina Ribas Werlang, Monique Cabral Hahn, Salete de Matos, Daniela Cortés Kretzer, Neide Maria Bruscato, Emilio Hideyuki Moriguchi, Juliana Rombaldi Bernardi, Marcelo Zubaran Goldani, Mariana Bohns Michalowski - HCPA

Introdução: O envelhecimento e a longevidade de indivíduos podem ser influenciados pelo seu padrão de saúde e doença ao longo do ciclo vital, no qual muitos fenótipos transgeracionais podem ser mediados por processos epigenéticos ou pela exposição da prole a comportamentos dos pais e ao ambiente familiar, ou ainda, a combinação desses. Dentre alguns dos marcadores biológicos que estão associados com o envelhecimento e a longevidade está o tamanho telomérico. **Objetivo:** Avaliar a herdabilidade do comprimento telomérico em indivíduos de mesma família ao longo de quatro gerações e sua influência na longevidade e saúde dos indivíduos. **Métodos:** Estudo transversal, observacional, utilizando uma amostra de famílias que com indivíduos representativos de quatro gerações, na cidade de Veranópolis/RS. Os participantes foram distribuídos seguindo os grupos: 1º geração (bisavós e/ou bisavós), 2º geração (filhos da 1º geração e cônjuges), 3º geração (filhos da 2º geração e cônjuges), 4º geração (filhos da 3º geração). Foram aplicados questionários e protocolos relacionados a dados sociodemográficos, nutrição, atividade física e estresse, além da coleta de saliva para análise do comprimento telomérico. **Resultados:** Dados preliminares demonstraram um efeito das gerações no comprimento telomérico ($n=136$, $p<0,001$, GEE). Não houve diferença significativa entre gêneros ($p=0,297$), mesmo evidenciando um maior comprimento telomérico para participantes do gênero feminino. O comprimento telomérico foi menor naqueles indivíduos com maior número de filhos ($p=0,002$, GEE), sendo que no gênero feminino o desgaste é maior ($p=0,021$, GEE). Não houve diferenças significativas no comprimento telomérico em relação ao IMC ($p=0,917$), estresse ($p=0,317$), ou presença de doença crônica ($p=0,875$). **Conclusões:** Os resultados corroboram a relação da idade no comprimento telomérico como descrito na literatura. Além disso, sugere-se que o número de gestações influencia o desgaste telomérico, podendo estar relacionado à fisiologia do período, no qual ocorre o aumento da demanda metabólica e energética das gestantes. Unitermos: Telômero; Longevidade; Quatro gerações.

P1658

Abordagem in silico da ontologia do gene ATXN3 e de dois de seus potenciais genes modificadores

Luís Dias Ferreira Soares, Maiara Kolbe Musskopf, Eduardo Preusser de Mattos, Maria Luiza Saraiva-Pereira - UFRGS

A doença de Machado-Joseph (MJD) ou ataxia espinocerebelar tipo 3 (SCA3) é uma doença hereditária neurodegenerativa causada pela expansão da repetição CAG no gene ATXN3, o qual codifica a proteína ataxina 3. A patologia da doença inclui a formação de agregados proteicos formados pela proteína mutante, os quais, segundo evidências recentes, podem ser diminuídos pela interação com a proteína DNAJB6, e pelo restabelecimento dos níveis de expressão de outra proteína, a ataxina 2. Esse estudo tem como objetivo contribuir para a melhor compreensão da regulação do gene responsável pela MJD/SCA3 através de ferramentas in silico, procurando entender sua ontologia assim com a ontologia dos genes que codifica a DNAJB6 e a ataxina 2. A predição dos sítios de ligação dos fatores de transcrição (FT) dos genes ATXN3, DNAJB6 e ATXN2 foi realizada com a ferramenta MatInspector. Foram excluídos aqueles sítios que não tinham nenhuma evidência marcada pelo programa, nem expressão nos tecidos cerebrais ou valor de threshold otimizado inferior a 0,85. A partir das matrizes produzidas nessas condições, foram buscadas as proteínas que se ligam nesses sítios utilizando a base de dados GeneCards. Em seguida, foi utilizada a base de dados de FT MatBase para se chegar a ontologia dos genes dos fatores de transcrição identificados. Também foram realizados experimentos para verificar os sítios de ligação FT conservados. Para isso, foram coletadas as sequências dos 2000 primeiros nucleotídeos dos genes ATXN3, DNAJB6 e ATXN2 de Homo sapiens, Mus musculus e Gallus Gallus disponíveis em Ensembl.org. Foi obtido apenas uma família de FT para DNAJB6 e ATXN2 e mais 5 famílias de TF para ATXN3. Na predição dos sítios de ligação dos FT dos 3 genes de H. sapiens foram encontrados 155 FT nas condições determinadas acima. Desses, 22 aparecem em dois dos genes e 5 em todos eles. Muitos dos TF's preditos do tipo de E2F, fator que regula a expressão das proteínas no início da fase S da mitose, indicando que esses genes têm sua expressão aumentada nessa fase do ciclo celular. Outro fato importante é o aparecimento dos FT de atividade choque térmico, HSF1 e HSF2, na sequência de ATXN3, indicando que esse pode ser um gene regulado por situações estresse. As análises in silico produzem dados que podem selecionar os potenciais genes e/ou proteínas a serem abordados em análises laboratoriais. A comprovação das interações proteicas tem o potencial de serem possíveis alvos de intervenções terapêuticas. Unitermos: Gene ATXN3; Ontologia; Interações proteicas.

P1659

Exposição paterna e os possíveis desfechos na gravidez, análise dos casos no sistema de informações sobre agentes teratogênicos (SIAT)

Gabriela Elis Wachholz, Tatiane dos Santos, Gabriela Ecco, Gabriel Colpes, Taiane Dornelles Moreira, Anna Pires Terra, Maria Teresa Sanseverino, Lavínia Schuler-Faccini, André Anjos da Silva - HCPA

Introdução: Não se conhece até o momento exemplos cientificamente comprovados de teratogênese por exposição paterna. Entretanto, é crescente a preocupação das suas possíveis implicações em desfechos desfavoráveis na gestação. Fármacos, substâncias químicas, radiação, doenças ou idade paterna avançada induzem alterações nos espermatozoides que podem alterar o desenvolvimento embrionário e fetal. Além disso, alguns agentes podem produzir efeitos epigenéticos alterando a expressão de genes durante o desenvolvimento embrionário. **Objetivos:** Descrever a experiência do Sistema de Informações sobre Agentes Teratogênicos (SIAT) em relação aos casos de exposição paterna. **Métodos:** Foram utilizadas informações disponíveis no banco de dados do SIAT referentes às consultas realizadas entre os anos de 2006 e 2017. As análises foram realizadas em relação ao tipo de exposição, ao estado de origem do consulente e em relação ao propósito da consulta. Três consultas tiveram o seguimento