

## Teste das Figuras

Percepção visual:  $9,88 \pm 0,43$ Nomeação:  $9,89 \pm 0,42$ Memória incidental:  $6,76 \pm 1,40$ Memória imediata 1:  $7,90 \pm 1,75$ Memória imediata 2 (aprendizado):  $8,32 \pm 1,64$ 

## Conclusões

Estão previstos a genotipagem, a análise dos resultados e o envio para publicação até o fim de 2020.

**2581****AVALIAÇÃO DA PRESCRIÇÃO E DO USO DE ANTICONCEPÇÃO EM PACIENTES COM DIABETES**CAROLINE REIS GERHARDT ; GEORGIA TUPI CALDAS PULZ; FABÍOLA SATLER ; CRISTIANE BAUERMANN LEITÃO  
HCPA - Hospital de Clínicas de Porto Alegre

Introdução: Mulheres com diabetes melito (DM) devem ter gestações planejadas, visto que níveis glicêmicos não controlados podem estar associados a progressão de complicações crônicas do DM e aumento do risco de morte fetal e de malformações congênitas. Assim, devem receber prescrição de métodos anticoncepcionais (MAC) eficazes e adequados a sua condição clínica. Determinados MAC podem estar contraindicados em pacientes com longa duração do DM e/ou com complicações vasculares.

Objetivo: Avaliar a adequação da prescrição de MAC para pacientes com DM em idade fértil e quais fatores estão associados à ausência de prescrição desses medicamentos.

Método: Estudo transversal dividido em 2 fases: (1) dados coletados de prontuários eletrônicos entre 2018-2019 (período de 1 ano) e (2) por meio de entrevistas com pacientes com DM em idade fértil (10-49 anos) e em acompanhamento ambulatorial no Serviço de Endocrinologia do Hospital de Clínicas de Porto Alegre (HCPA).

Resultados parciais: Das 1069 mulheres com DM, 743 foram excluídas por estarem fora dos limites de idade fértil, 11 por gestação atual e 6 por não consultarem há mais de 1 ano. Assim, 309 pacientes foram incluídas no estudo. A idade média foi  $35,2 \pm 10,5$  anos, a média de idade ao diagnóstico de DM foi  $20,6 \pm 11,4$  anos e tempo médio de doença foi  $14,3 \pm 9,5$  anos. Quanto à classificação do DM, 55% tem DM tipo 1, 33% DM tipo 2, 4% Maturity-onset diabetes of the young (MODY), 3% Latent autoimmune diabetes of the adult (LADA) e 4% outros tipos de DM. Dos 309 prontuários revisados, 55% (n=170) apresentam registro médico sobre utilização de MAC e 41,7% (n=129) das pacientes disseram utilizar algum método contraceptivo. Os mais frequentes são anticoncepcional oral combinado (ACO) (n=54; 41,8%), injeção trimestral de acetato de medroxiprogesterona (n=14; 10,8%), progesterona oral isolada (n=11; 8,5%) e laqueadura tubária (n=11; 8,5%). Atualmente estamos na fase final da coleta de dados por entrevista.

Conclusões: Um terço das pacientes com DM em acompanhamento no Serviço de Endocrinologia do HCPA está em idade fértil e deveria ter a anticoncepção abordada na consulta médica. Somente metade dessas pacientes tem registro na consulta médica sobre MAC. O MAC mais utilizado é o ACO. No seguimento do estudo iremos analisar os fatores associados à não prescrição e se os métodos utilizados são adequados e respeitam as contraindicações de uso.

**2677****IDENTIFICAÇÃO DE GENES DIFERENCIALMENTE METILADOS NA OBESIDADE: UMA ANÁLISE INTEGRATIVA DE DADOS DE METILOMA**GUILHERME COUTINHO KULLMANN DUARTE; TAIS SILVEIRA ASSMANN; MELISSA DANIELE ALVES; FELIPE PELLENZ; DAISY CRISPIM  
HCPA - Hospital de Clínicas de Porto Alegre

Introdução: A obesidade tem se tornado um grande problema de saúde pública e é causada pela combinação de fatores genéticos, ambientais e epigenéticos. A metilação do DNA, uma das principais alterações epigenéticas, regula negativamente a expressão gênica em resposta a fatores ambientais. Por mais que diversos estudos têm sugerido que genes diferencialmente metilados (GDMs) estão associados ao desenvolvimento da obesidade, os resultados desses estudos ainda são inconclusivos.

Objetivo: Identificar um perfil de metilação de DNA alterado na obesidade e as vias metabólicas associadas a este perfil através de análises de expressão diferencial e biologia de sistemas.

Método: Os estudos de microarray que investigaram perfis de metilação de DNA em indivíduos com obesidade (casos) e em controles eutróficos foram buscados na plataforma GEO (Gene expression Omnibus). Após a seleção dos datasets de interesse, a ferramenta online GEO2R foi utilizada para identificar as regiões (ilhas CpGs) diferencialmente metiladas entre casos e controles, bem como para identificar os genes (GDMs) nos quais essas regiões estão presentes. Os GDMs considerados significativos foram aqueles com  $|t| > 2$  e  $p < 0,01$ . A rede de interação formada pelos GDMs foi gerada e analisada usando as ferramentas NetworkAnalyst 3.0 e Cytoscape 3.8.0 com a extensão MCODE para identificação dos GDM hub (genes com alto número de conexões em uma via). A análise de enriquecimento funcional foi realizada para identificar as vias KEGG em que participam os GDM hub usando o site PathDIP.

Resultados: Sete datasets foram incluídos no estudo. Desses, 3 analisaram perfis de metilação em tecido adiposo subcutâneo (GSE67024, GSE24884 e GSE111632), 3 em células sanguíneas (GSE44763, GSE25301 e GSE140692) e um em fígado (GSE65057). Uma análise de sobreposição incluindo os 7 datasets identificou 53 GDMs. Posteriormente, a análise da rede de interação entre esses GDMs nos permitiu identificar 6 GDMs hub (MAP3K5, SYNJ2, DCTN1, NCF4, PIM1 e SREBF1).