

RELAÇÃO ENTRE SÍNDROME METABÓLICA E DÉFICIT COGNITIVO

Lizzie S. N Milléo¹; Renan O.V. Melo¹; Rafael Y. Matsumoto¹; Luana R. Pereira¹; José F. V. Martin²

1- Acadêmico do Curso de Medicina; 2- Professor Adjunto do Departamento de Clínica Médica – Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto – FAMERP

e-mail: lmilléo@hotmail.com / vilelamartin@uol.com.br

A associação entre Hipertensão arterial, resistência à insulina, dislipidemia e obesidade, conhecida como Síndrome Metabólica (SM), eleva substancialmente o risco de desenvolvimento de doença aterosclerótica. Por outro lado, o processo aterosclerótico é o principal fator no desenvolvimento de demência vascular com o avançar da idade. Desta forma, avaliamos uma possível associação destes fatores agrupados e isoladamente com déficit cognitivo (DC). Objetivou-se estimar a prevalência de SM nos hipertensos em tratamento e verificar uma possível relação entre SM e DC. Foram avaliados 257 pacientes hipertensos acompanhados em serviço especializado, cujas medidas antropométricas, dados bioquímicos, medicações e co-morbidades foram retirados de prontuário de rotina. A função cognitiva foi avaliada por meio do Mini Exame do Estado Mental, além. Os pacientes foram classificados como: com SM e DC, com SM sem DC, sem SM com DC e, sem DC e sem SM. Foi admitido erro de significância para $p < 0,05$. Esperava-se uma alta prevalência de SM entre hipertensos, assim como um maior DC nestes quando comparados a hipertensos não portadores de SM. A prevalência de SM foi de 66% nos maiores de 40 anos ($p < 0,005$) e não foi significativa no restante. Não há evidência de associação entre SM e déficit cognitivo quando considerados todos os pacientes ($p = 0,522$), nem mesmo quando subdivididos em faixas etárias. A pontuação média no MEEM do dos grupos foi semelhante. Não se observaram diferenças com significância estatística quando comparados os valores médios de glicemia, HDL, triglicérides, pressão arterial sistólica e diastólica, e medida da cintura abdominal (CA) entre pacientes com e sem DC. Desta forma, conclue-se que é relevante a prevalência de SM em hipertensos, o que implica num maior risco cardiovascular que a hipertensão isolada. Não se encontra uma associação direta entre SM e DC, nem com critérios estudados isoladamente.

Apoio financeiro: Bolsa de Iniciação Científica (PIBIC/CNPq 2007/2008)

ANÁLISE COMPUTACIONAL E MOLECULAR DE GENES COM SPLICING ALTERNATIVO EM CÉLULAS NORMAIS E NEOPLÁSICAS

Ana L. O. M. Santos¹; Fabiana Gual¹; Eloíza H. Tajara²

1- Aluna de Graduação do 3.º ano de Medicina FAMERP 2- Departamento de Biologia Molecular da Famerp

e-mail: ana.luisa.moura@hotmail.com / tajara@famerp.br

O splicing alternativo compreende um dos principais mecanismos geradores de diversidade protéica em vertebrados. Um grupo importante de proteínas, a própria maquinaria de transcrição e a estrutura do promotor parecem modular esse processo. Esse mecanismo pode afetar a função do produto gênico e, em alguns casos, pode levar à transformação maligna. O objetivo do presente trabalho é estudar o splicing alternativo em células normais e neoplásicas utilizando abordagens moleculares e computacionais. As seqüências foram avaliadas por programas específicos de busca de elementos reguladores cis (estimuladores e silenciadores), potenciais ou já experimentalmente testados, tanto no exon envolvido no evento de splicing como nos exons vizinhos. A manipulação dos resultados obtidos foram realizadas manualmente mediante a utilização de programas básicos de Windows Office e de ferramentas disponíveis on-line, como BLAST, BLAT e RESCUE-ESE. Os resultados finais mostraram 1379 elementos reguladores: 1187 estimuladores (59% do tipo ESE e 27% do tipo PESE) e 192 silenciadores (6% do tipo ESS e 8% do tipo PESS). Os elementos do tipo ESE foram os mais freqüentes, seguidos pelos PESE. Os silenciadores mostraram freqüências inferiores a 10% nos exons analisados. Muitos tipos diferentes de elementos ESE e ESS foram observados em exons potencialmente envolvidos em formas novas de splicing alternativo ou em exons vizinhos. Entretanto, não foi observado um padrão específico de posição ou presença desses elementos em relação às características do exon alternativo, como perda ou ganho de seqüências, ou do exon vizinho (posição 5' ou 3' em relação ao exon alternativo). Esse último resultado pode ser decorrente da análise manual desenvolvida. Embora a validação experimental das predições seja fundamental, os resultados obtidos abrem caminho para novos estudos in silico sobre o papel dos elementos reguladores no splicing alternativo.

Fonte de financiamento: Bolsa Pibic 2007/2008

ESTUDO DA OCORRÊNCIA DE QUASIESPÉCIES EM DENGUE 3

Bianca P. Ferro¹; Roberta V. M. Bronzoni²; Maurício L. Nogueira³

1- Aluna de Graduação do 5.º ano de Medicina da FAMERP- Bolsista PIBIC CNPq - 2007/2008; 2- Pós Doutoranda - Laboratório de Pesquisa em Virologia- FAMERP Bolsista FAPESP; 3- Professor - Laboratório de Pesquisa em Virologia - FAMERP

e-mail: biapiovezan@gmail.com / mnogueira@famerp.br

A Dengue é uma doença viral aguda, transmitida por mosquitos. O vírus pertence à família Flaviviridae e apresenta 4 sorotipos. O RNA viral possui dez genes, que codificam proteínas estruturais e não-estruturais. Devido ao fato de o vírus DEN ter sua replicação baseada em uma RNA polimerase viral ele é naturalmente tendencioso para gerar variações genéticas, não apenas na natureza, mas também no mesmo indivíduo. Este fenômeno é chamado de quasiespécies e é considerado fundamental para a evolução viral. Pouco se sabe da relação entre o aparecimento de quasiespécies do vírus dengue e a patogênese da doença. Estudar a presença de quasiespécies em pacientes infectados com DEN3. Foi feita amplificação por RT-PCR do gene NS5 de DEN3. O RNA viral, proveniente de amostras da soroteca do LPV, foi extraído utilizando o Qiamp viral RNA isolation Kit, submetido à transcrição reversa usando Superscript III e depois amplificado em sistema nested PCR. As amostras foram visualizadas em gel de agarose e as positivas foram clonadas. As clonagens foram feitas no vetor pCR 2.1, e transformadas em bactérias E. coli DH5-alfa. Os clones considerados positivos foram armazenados a -80°C. Cinco a dez clones de cada amostra foram seqüenciados, utilizando o kit Big Dye v 3.1 para análise filogenética. As seqüências obtidas foram alinhadas utilizando o software DS Gene 2.0 para cálculo da diversidade intra e inter-paciente. Foram estudadas até o momento 10 amostras clínicas, e foram seqüenciadas de 5 a 10 clones de cada. Até o momento foram seqüenciados 64 clones. Em todas as amostras seqüenciadas foi identificada a presença de polimorfismo em todos os clones. Isto mostra a grande diversidade genética intra-paciente no vírus da dengue, o que não surpreende devido a sua característica de vírus de RNA. Posteriormente será analisada a diversidade inter-paciente e a possível correlação entre diversidade genética e manifestação clínica.

Apoio Financeiro: Bolsa de Iniciação Científica (PIBIC 2007/2008)

ATIVIDADE ANTIFÚNGICA: CORRELAÇÃO ENTRE OS MÉTODOS DE DIFUSÃO EM DISCO (M44-P) E MICRODILUIÇÃO (M27-A2) (CLINICAL AND LABORATORY STANDARDS INSTITUTE) FRENTE A LEVEDURAS ISOLADAS DE ONICOMICOSE

Letícia V. Guerrer¹; Keith C. Cunha²; Margarete T. G. Almeida³

1- Aluna do 6º ano do curso de graduação em Medicina - FAMERP; 2- Bióloga do Laboratório de Microbiologia - FAMERP; 3- Professora Doutora em Microbiologia, Departamento de Doenças Dermatológicas, Infecciosas e Parasitárias - FAMERP.

e-mail: letguerrer@yahoo.com.br / margarete@famerp.br

Após a constatação da disponibilidade de dois testes laboratoriais para a determinação da sensibilidade de leveduras aos agentes antifúngicos, tornou-se necessário o estabelecimento de alguns dados que os associassem e, dessa forma, indicassem qual a metodologia mais indicada para o correto estabelecimento do perfil de sensibilidade antifúngica com a finalidade de otimizar o tratamento clínico dos pacientes portadores de onicomicose e outras afecções causadas por leveduras. Para tal, 101 amostras de leveduras provenientes de espécimes clínicos de onicomicose foram submetidas ao teste de microdiluição (documento M27-A2 do NCCLS) para a determinação da CIM (Concentração Inibitória Mínima) dos antifúngicos: Fluconazol, Itraconazol, Cetoconazol e Anfotericina B. A seguir, o padrão fenotípico de sensibilidade – resistência foi comparado àquele conseguido através do teste de difusão em disco (documento M44-P) e as taxas de discordância entre os testes foram calculadas. Para as espécies mais prevalentes, as CIM médias ($\mu\text{g/ml}$) e as taxas de discordâncias (%) para os respectivos antifúngicos foram: *C. parapsilosis* - CIM média de $2,29\mu\text{g/ml}$ (18,75%), $0,11\mu\text{g/ml}$ (35,41%), $0,09\mu\text{g/ml}$ (0%) e $0,2\mu\text{g/ml}$ (0%); *C.albicans* – $1,47\mu\text{g/ml}$ (20%), $0,11\mu\text{g/ml}$ (20%), $0,08$ (0%) e $0,16$ (0%); *Trichosporon sp* – $1,78\mu\text{g/ml}$ (44,4%), $0,12$ (55,5%), $0,11\mu\text{g/ml}$ (0%) e $0,18\mu\text{g/ml}$ (0%). Observa-se, portanto, a ascensão de fungos resistentes aos agentes mais utilizados na prática dermatológica, além da importante taxa de discordância entre os perfis fenotípicos de suscetibilidade antifúngica obtidos com os métodos de microdiluição e difusão em disco.

Apoio financeiro: Bolsa de Iniciação Científica - PIBIC 2007/2008

ANÁLISE POR DIMENSÃO FRACTAL DO EFEITO DO ALHO NO CÂNCER DE PULMÃO EXPERIMENTAL

LúciaC.Braga¹; Juliana Chalupe¹; Maristela P.S.Munhoz²; PatríciaM.Cury³; Moacir F.Godoy⁴

1- Acadêmica do Curso de Medicina; 2- Farmacêutica vinculada à Instituição; 3- Docente do Departamento de Patologia; 4- Docente do Departamento de Cardiologia e Cirurgia Cardiovascular - Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto

e-mail: lulucia22@hotmail.com/ mfgodoy@netsite.com.br

As prováveis propriedades anticarcinogênicas de substâncias presentes no alho (*Allium sativum*) parecem ser inibição da proliferação celular, da angiogênese e melhora da imunidade. Em estudo prévio, estudamos o efeito da ingestão de alho no desenvolvimento do câncer induzido por uretana. Não houve diferença no número de lesões tumorais em relação ao grupo controle, entretanto, decidimos avaliar as alterações por meio de análise por dimensão fractal. A geometria fractal é a estrutura de organização dos sistemas anátomo fisiológicos, cuja regulação interna está sujeita a oscilações regidas por leis auto determinadas pela natureza do sistema e cuja funcionalidade pode ser prevista por avaliação não linear. Alterações na geometria fractal dos nódulos, refletiriam oscilações no padrão de funcionamento fisiológico e, portanto, poderiam se constituir em indicadores da capacidade do alho de interferir na apresentação do câncer de pulmão. O objetivo foi avaliar a influência do alho no curso e progressão do câncer de pulmão experimental em camundongos pela análise da dimensão fractal de nódulos pulmonares induzidos por uretana. Experimentalmente utilizou-se injeção intraperitoneal do carcinógeno uretana sendo em um dos grupos administrado, por 16 semanas, alho na concentração 0,98%, diluído em água, a cada dois dias, ad libitum, na dieta. Os nódulos pulmonares encontrados tiveram sua dimensão fractal avaliada por meio do programa Image J 1.33u. Observou-se que o grupo submetido ao alho teve dimensão fractal mais baixa ($P = 0,0001$). Pela Curva ROC foi encontrado o nível de corte $\geq 1,489$ com sensibilidade de 44,8%, especificidade de 84,5%, valor preditivo positivo de 70,3%, valor preditivo negativo de 65,2%, com área sob a curva igual a 0,68. Portanto considerando-se que, uma dimensão fractal mais alta estaria relacionada a maior atividade funcional o que por sua vez estaria de acordo com maior agressividade tumoral o que parece ter sido reduzido com o uso do alho.

GENOTIPAGEM DE ISOLADOS DE GIARDIA LAMBLIA EM AMOSTRAS FECAIS HUMANAS NO NOROESTE PAULISTA

Marcus V. P. de Moraes¹; Ana C. M. Gonçalves¹; Célia Franco²; Magali C. de Almeida³; Aline C. Volotão^{4,5}; Andréa R. B. Rossit¹; Ricardo L. D. Machado¹

1- Centro de Investigação de Microrganismos (CIM), Departamento de DDIP – FAMERP-SP; 2- Serviço de DIP do Hospital de Base (DIP-HB); 3- Laboratório Central, HB, São José do Rio Preto, SP; 4- Departamento de Medicina Tropical, FIOCRUZ, Rio de Janeiro, RJ, 5- Departamento de Imunologia, UFRJ, Rio de Janeiro, RJ
e-mail: viniciusdemoraes@hotmail.com / ricardomachado@famerp.br

A origem da diarreia pode ser infecciosa ou não. O primeiro tipo é provocado por um agente infeccioso e constitui-se a forma mais freqüente entre os indivíduos que vivem em condições adversas. A Giardia lamblia tem sido associada com episódios diarreicos em inquéritos epidemiológicos. Dois grupos deste protozoário foram descritos na Europa: Polônia e Bélgica e nos Estados Unidos: grupo (1+2) e grupo 3, e na Austrália genótipos A e B. Estudos moleculares revelaram a existência de diferenças genéticas no genótipo A, Grupo A-I e A-II, sendo que o A-II parece ser exclusivo de humanos. Estudos em animais isolaram os genótipos C e D de cães, o genótipo E de animais ungulados comercialmente importantes, e genótipo F e G de gatos e ratos, respectivamente. Com o objetivo de determinar a freqüência dos genótipos de G. lamblia no Noroeste paulista, foram avaliados isolados deste protozoário de amostras triadas no Laboratório Central do Hospital de Base. Para as análises moleculares o DNA foi extraído das fezes pelo método de fenol-clorofórmio e os genótipos identificados por PCR com oligonucleotídeos iniciadores genótipos específicos. As amostras analisadas foram todas pertencentes ao genótipo A, não havendo o encontro do genótipo B. Estes resultados nos alertam para o risco de transmissão zoonótica entre os habitantes desta região e nos impulsiona à investigação de animais domésticos a fim de estabelecer quais genótipos de G. lamblia ocorre com maior freqüência em nosso meio entre Homens e animais.

Apoio Financeiro: Bolsa de Iniciação Científica (PIBIC 2007/2008)

POLIMORFISMO CBS 844ins68 E O RISCO MATERNO PARA SÍNDROME DE DOWN

Mariana O. Mituo¹; Bruna L. Zampieri²; Joice M. Biselli³; Eny M. Goloni-Bertollo⁴; Érika C. Pavarino-Bertelli⁵

1- Acadêmica do 4º de Medicina – FAMERP - Bolsista PIBIC-CNPq 2007 – 2008; 2- Pós-graduanda – Mestrado - Ciências da Saúde – FAMERP; 3- Pós-graduanda – Doutorado - Ciências da Saúde – FAMERP; 4- Professora Adjunta Livre Docente do Departamento de Biologia Molecular – FAMERP; 5- Professora Adjunta do Departamento de Biologia Molecular - FAMERP

e-mail: mariana_nanah@yahoo.com.br / erika@famerp.br

Os fatores etiológicos da Síndrome de Down (SD) ainda não são totalmente conhecidos. Estudos propuseram que uma consequência do metabolismo anormal do folato seria a ocorrência da SD independente da idade materna, relacionada à hipometilação do DNA. Alguns polimorfismos em genes que participam desta via metabólica são apontados como fatores de risco maternos para a SD, entre eles o polimorfismo 844ins68 do gene CBS. Assim, este estudo teve como objetivo avaliar a influência do polimorfismo CBS 844ins68 no risco materno para a SD. Foram incluídas 70 mães de indivíduos com SD (grupo estudo) e 100 mães que não tiveram filhos afetados pela trissomia do cromossomo 21 (grupo controle). A genotipagem do polimorfismo 844ins68 do gene CBS foi realizada por meio da técnica de reação em cadeia da polimerase (PCR). A média da idade materna encontrada foi maior para o grupo caso ($31,51 \pm 8,12$ anos) em relação ao grupo controle ($27,1 \pm 5,17$ anos) ($P < 0,0005$). As frequências alélicas e genotípicas não apresentaram diferenças nas distribuições entre os grupos ($P > 0,05$). A média de idade significativamente maior no grupo caso corrobora com a literatura, que relata a idade materna avançada como um importante fator de risco para a SD. Não foi possível estabelecer uma associação entre o polimorfismo CBS 844ins68 e o risco materno para a SD na casuística avaliada; entretanto investigações futuras são necessárias para a melhor compreensão do papel desse polimorfismo.

Apoio Financeiro: Bolsa de Iniciação Científica (PIBIC 2007/2008), FAPESP, CAPES, FAMERP-FUNFARME

ANÁLISE DO GENE *TAX1BP1* EM PACIENTES COM CÂNCER DE CABEÇA E PESCOÇO

Raquel A. Fernandes¹; Janayna F. Balachi²; Mariangela T. Ruiz³; Pedro E. M. Guimarães⁴; Emmanuel D. Neto⁵; José V. Maniglia⁶; Eloiza H. Tajara⁷; Érika C. Pavarino-Bertelli⁸; Eny M. Goloni-Bertollo⁷

1- Aluna de graduação do 5º ano de Medicina - Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto – FAMERP; 2- Graduanda em Ciências Biológicas – Universidade Estadual Paulista – UNESP – São José do Rio Preto; 3- Doutoranda em Ciências da Saúde – Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto – FAMERP; 4- Doutor em Ciências da Saúde – Universidade de São Paulo – USP – São Paulo; 5- Pós Doutorado em Ciências Biológicas - MD Anderson Cancer Center - University of Texas; 6- Livre Docente em Otorrinolaringologia e Cirurgia de Cabeça e Pescoço - Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto – FAMERP; 7- Livre Docente em Genética Humana - Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto – FAMERP; 8- Doutora em Genética - Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto – FAMERP

E-mail: raquel_med37@yahoo.com.br

No mundo, o câncer de cabeça e pescoço tem uma incidência anual de aproximadamente 200.000 casos novos e constitui a 6ª causa de morte por câncer. No Brasil estima-se 14.160 casos novos em 2008. O tabagismo e o etilismo são os principais fatores de riscos estabelecidos na etiologia dessa doença. O objetivo do estudo foi avaliar o polimorfismo T → A do gene *TAX1BP1* em pacientes com câncer de cabeça e pescoço e em uma população controle. Foram avaliados sexo, idade, tabagismo e etilismo de 191 pacientes com câncer de cabeça e pescoço e de 200 indivíduos sem história de neoplasia. A análise molecular desses indivíduos foi realizada após extração de DNA genômico pela técnica de PCR-RFLP. A análise dos dados demográficos, dos indivíduos com neoplasia, mostrou predominância de pacientes do sexo masculino (84,82%), tabagistas (91,1%) e etilistas (77,49%). A avaliação molecular não mostrou diferença estatisticamente significativa ($p=0,32$) entre grupo de pacientes com câncer de cabeça e pescoço (T=0,87 e A=0,13) quando comparado ao grupo controle (T=0,90 e A=0,10). Dessa forma, os resultados não sugerem uma relação entre o polimorfismo do gene *TAX1BP1* e o surgimento de câncer de cabeça e pescoço. A busca de polimorfismos associados à carcinogênese de cabeça e pescoço é de extrema importância, assim como o melhor entendimento das alterações moleculares, para que métodos mais precisos de diagnóstico auxiliem no desenvolvimento de tratamentos personalizados e prevenção desta doença.

ATIVIDADE ANTIFÚNGICA: CORRELAÇÃO DO MÉTODO DE DIFUSÃO EM DISCO(M44P) E MICRODILUIÇÃO M27A (CLINICAL AND LABORATORY STANDARDS INSTITUTE) FRENTE A LEVEDURAS ISOLADAS DE COLONIZAÇÃO E INFECÇÃO DE MUCOSA VAGINAL

Paulo R. S. David ¹; Paula R. Correa ²; Keith C. Cunha ³; Márcia M. C. N. Soares ⁴; Natália P. Peres⁵; Margarete T. G. Almeida ⁶

1- Aluno de Graduação do 6.º ano de Medicina FAMERP; 2- Mestranda em Microbiologia UNESP; 3- Bióloga do Laboratório de Microbiologia FAMERP; 4- Profa Dra do Laboratório de Microbiologia da FAMERP; 5- Aprimoranda Hospital de Base de São José do Rio Preto; 6- Chefe do Laboratório de Microbiologia FAMERP.

paulo_rodrigo_david@yahoo.com.br / margarete@famerp.br

A candidíase vulvovaginal (CVV) é uma inflamação da mucosa genital decorrente de infecção por leveduras, tendo como principais sintomas: disúria, hiperemia, ardência, corrimento, prurido, dispareunia e fissuras. Aproximadamente 75% das mulheres sofrem ao menos um episódio de candidíase vulvovaginal, 40% apresentam mais de um episódio e menos de 5% tornam-se recorrentes (CVVR), isto é, quatro ou mais eventos anuais. A CVV tem como principal etiologia, *C. albicans*, no entanto, episódios devido às espécies “não *albicans*” estão aumentando. Este projeto teve como objetivos caracterizar fenotipicamente leveduras isoladas do conteúdo vaginal de 223 mulheres adultas, sintomáticas (S) e assintomáticas (A) para CVV, atendidas pelo Serviço de Ginecologia do Hospital de Base de São José do Rio Preto e determinar os indicadores clínicos. Para tal, foi realizada análise micológica de 223 isolados clínicos, sendo que, 87 apresentaram cultura positiva. *C. albicans* foi à espécie mais prevalente nos dois grupos (A/S), seguida de *C. glabrata*. A suscetibilidade a antifúngicos, realizada pelos dois métodos de referência disco-difusão e microdiluição, mostrou concordância, estatisticamente comprovada, apenas para o itraconazol. *Candida albicans* é a espécie prevalente; espécies não albicans, emergentes, são importantes agentes de colonização e infecção na mucosa vaginal, dado o elevado perfil de resistência aos derivados azólicos; o método de investigação da suscetibilidade antifúngica, difusão em disco, deve ser utilizado apenas como diagnóstico preliminar; o método de microdiluição é o indicado para confirmação do fenótipo de resistência; não há concordância nos resultados obtidos por difusão em disco e microdiluição para o fenótipo de resistência aos azólicos.

Apoio Financeiro: Bolsista PIBIC/CNPQ 2007/2008

SÍNDROME PRÉ-MENSTRUAL E ATIVIDADE FÍSICA

Renato Batista Paceli¹; Kazuo Kawano Nagamine²; Maria Cristina O. S. Miyazaki³

1- Aluno de graduação do 2º ano de Enfermagem - FAMERP; 2- Departamento. de Epidemiologia e Saúde Coletiva - FAMERP; 3- Laboratório de Psicologia e Saúde - FAMERP.

email: rpaceli@gmail.com / cmiyazaki@famerp.br

A síndrome pré-menstrual (SPM) corresponde a um conjunto de sintomas clínicos moderados, como sensação de dolorimento nos seios, corpo edemaciado, cefaléia, mudanças no apetite, alterações de humor, concomitantes as modificações decorrentes da fase hormonal lútea tardia. A prática regular de atividade física, associada a uma alimentação adequada, parece ter um impacto positivo sobre os sintomas pré-menstruais. O objetivo do trabalho foi identificar sintomas de SPM em mulheres participantes de programa regular de atividade física oferecido no local de trabalho e comparar estes dados com aqueles obtidos em um grupo controle. Após aprovação do projeto por Comitê de Ética em Pesquisa, 27 mulheres participantes de programa regular de atividade física e 30 mulheres controle (sem prática regular de atividade física) foram convidadas a participar do estudo. Todas responderam a um questionário de sintomas de SPM durante a fase lútea. Os dados foram analisados com teste para mediana, nível significância = 0,05. O grupo Atividade Física, apresentou significativamente menos sintomas de irritabilidade, dificuldade de concentração, de relacionamento pessoal e de pensamento, perda de controle, labilidade afetiva, cansaço, sensação subjetiva de opressão. O grupo controle apresentou significativamente menos sintomas relativos a dificuldade de memória, fadiga muscular, turgescência no seio, cefaléia e dor muscular. Houve redução significativa de sintomas da SPM para mulheres participantes de programa regular de atividade física.

Apoio Financeiro: PIBIC/CNPq 2007/2008

ESTUDO DE MORBIDADE REFERIDA ENTRE ACADÊMICOS, DOCENTES E FUNCIONÁRIOS TÉCNICOS ADMINISTRATIVOS DE UMA FACULDADE ESTADUAL DO NOROESTE PAULISTA PARA DETECTAR ESTRESSORES

Jaqueline L Bernardes¹, Zaida A.S.G Soler²

1- Acadêmica do curso de Enfermagem da Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto – FAMERP; 2- Enfermeira Doutora em Enfermagem Obstétrica pela USP-SP, Livre-Docente em Enfermagem pela FAMERP, Docente do Departamento de Enfermagem em Saúde Coletiva e Orientação Profissional da Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto – FAMERP, Orientadora da Graduação e Pós-Graduação da FAMERP

jaquelinabernardes@yahoo.com.br / zaida@famerp.br

O estresse afeta um número crescente de indivíduos em todo o mundo. É constante a presença de agentes estressores no cotidiano de vida do ser humano, o que resulta em aumento da atenção, nervosismo, inquietação, distúrbios do sono, cansaço, fadiga, insônia, perda do apetite e depressão. Identificar a presença de agentes estressores entre acadêmicos, docentes e funcionários técnicos administrativos da Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto, SP – FAMERP. O estudo foi realizado entre 318 indivíduos da FAMERP que consentiram em participar, sendo 252 acadêmicos (160 da enfermagem e 92 da medicina); 22 docentes e 44 funcionários técnicos administrativos. Os dados foram coletados no primeiro semestre de 2008, preservando-se os aspectos éticos de pesquisas com seres humanos, usando-se um formulário aplicado na forma de questionário. Um total de 40,6% dos participantes referiram que se irritavam facilmente; 38,1% consideraram que estavam estressados, 69,4% achavam que havia estressores na sua vida; 71,4% apresentavam de 1 a 3 sintomas de estresse; 20,12% já precisaram de apoio psicológico; 20,1% relataram que precisam de apoio psicológico atualmente; 23,6% já foram diagnosticados com depressão; 33,3% apresentaram entre 7 a 9 sintomas de estresse nos últimos tempos. Os eventos que têm ocorrido nos últimos tempos foram: transtorno de humor e ansiedade (23,6%); depressão (2,83%); baixa auto-estima (9,7%); conflitos no lar (8,8%); relacionamentos prejudicados (7,5%); perda de pessoas queridas (2,8%) ; suporte familiar reduzido (4,1%) e estresse (14,2%). Os dados obtidos permitem a proposição de ações ampliadas para detectar a presença de agentes estressores e promover medidas de controle entre os acometidos, além de subsidiar outros estudos e pesquisas neste contexto.

Apoio Financeiro: Bolsa de Iniciação Científica (PIBIC) – FAMERP (2007/2008)

ADEQUAÇÃO PEDAGÓGICA PARA NECESSIDADES DE APRENDIZAGEM DOS PACIENTES DE HANSENÍASE

Luana L. Femina¹; Ana C. P. Soler²; Susilene M. T. Nardi³; Vânia D. A. Paschoal⁴

1- Faculdade de Medicina de S. J. do Rio Preto-FAMERP acadêmica do Curso de Enfermagem, Bolsista Pibic; 2- Faculdade de Medicina S. J. Rio Preto-FAMERP acadêmica do Curso de Enfermagem; 3- Instituto Lauro de Souza Lima, Terapeuta Ocupacional; 4- Faculdade de Medicina S. J. Rio Preto - FAMERP Docente do DESCOP e-mail: lulifeenf@yahoo.com.br / vaniapaschoal@yahoo.com.br

A hanseníase é uma doença milenar, estigmatizante que possui cura, seu tratamento é ambulatorial e gratuito e ainda assim não atingiu sua completa eliminação em vários países continuando um grave problema de saúde pública, uma das barreiras dessa doença é a falta de conhecimento dos pacientes em relação à mesma devido a abordagem dos profissionais de saúde e suas próprias concepções de saúde. Este trabalho teve como objetivo analisar as falhas existentes relatadas em entrevistas aplicadas em relação ao conhecimento dos pacientes sobre a doença propondo maneiras de como solucioná-las de forma eficaz e pedagógica. Foi realizado por meio de fonte secundária (banco de dados informatizado existente), baseado nas fichas de controle dos pacientes atendidos pelo ambulatório de dermatologia do Hospital de Base e do NGA60, além de dados colhidos em entrevistas dos projetos vinculados ao Projeto Hansen (projeto mãe) A análise estatística foi descritiva, com cálculos percentuais simples e cruzamento de variáveis. Os resultados revelaram não houve grande diferença na predominância de gênero, observou-se diferenças quanto a interpretação dos termos utilizados pelos profissionais e controle dos comunicantes intra-domiciliares. O profissional da saúde deve estar apto para moldar seu diálogo. A terminologia correta e nova é de suma importância para compreensão e diminuição de preconceitos. Inferimos que a educação sobre as incapacidades físicas, controle de comunicantes, além do tratamento e transmissão deve ser realizada de forma a adequar as informações com a realidade do paciente.

Apoio Financeiro: PIBIC/CNPq – 2007-2008

ADESÃO DE JOVENS E IDOSOS HIPERTENSOS AO TRATAMENTO NÃO FARMACOLÓGICO DA HIPERTENSÃO ARTERIAL SISTÊMICA

Marina F. A. Dedini¹; Isabela C. Rodrigues¹; Claudia B. Cesarino²

1- Aluna de Graduação de Enfermagem; 2- Docente do Departamento de Enfermagem Geral - FAMERP

e-mail: marinafad@gmail.com / claudiacesarino@famerp.br

A hipertensão arterial é uma doença de fácil diagnóstico e com uma diversidade terapêutica eficaz para seu controle. Entretanto, grande parte dos hipertensos continuam ignorando-a, não controlando a pressão arterial, e não realizando mudanças de hábitos de vida mesmo após diagnosticados. Objetivou-se identificar e relacionar a adesão de jovens-hipertensos e idosos-hipertensos ao tratamento não farmacológico da Hipertensão Arterial Sistêmica de um ambulatório escola. Métodos: Trata-se de um estudo descritivo, que foi realizado com 50 pacientes, escolhidos ao acaso por randomização, que foram distribuídos em dois grupos: grupo de 20 jovens e outro de 30 idosos cadastrados no Ambulatório de Hipertensão da Fundação Faculdade Regional de Medicina de São José do Rio Preto. Os dados foram coletados por meio de entrevista baseada na V Diretrizes Brasileiras de Hipertensão de 2006 e para análise dos dados foi utilizado a estatística descritiva. Resultados: Foram estudados 50 hipertensos, sendo 30 idosos e 20 jovens, que apresentaram –se semelhantes quanto à idade, pressão arterial e índice de massa corpórea(no grupo de idosos a idade média foi de 70,0 anos, o IMC médio de 29,1 kg/m², a média da pressão arterial sistólica 131,1 mmHg e da pressão diastólica 78,7 mmHg e no grupo de jovens, a média de idade foi de 22,5 anos, IMC de 28,1 kg/m², pressão sistólica 130,5 mmhg e a pressão diastólica 85 mmhg. A maioria dos jovens (60%) descobriu a HAS em serviço ambulatorial e já nos idosos (63,3%) descobriu em serviço de emergência . Ambos os grupos relataram não ter demorado para iniciar o tratamento após a descoberta da doença e não terem abandonado o tratamento (93,3% dos idosos e 95% jovens). Quanto aos hábitos de vida foram encontrados: 86,7% dos idosos e 50% dos jovens não fazem uso da bebida; 53,3% dos idosos e 65% dos jovens são sedentários e ambos os grupos não fumavam; 46,7% dos idosos e 70% dos jovens se consideram pessoas estressadas; os idosos não consomem alimentos com muito sal e 85% dos jovens relataram utilizar muito sal na comida. Conclusões Observou-se uma semelhança nos grupos quanto abandono do tratamento da Hipertensão e que a maioria do grupo de idosos foram diagnosticados na emergência, porém relataram hábitos mais saudáveis que os jovens.

INFLUÊNCIA DE VARIANTES GENÉTICAS DA PROTEÍNA DE TRANSFERÊNCIA DO ÉSTER DE COLESTEROL NO PERFIL LIPÍDICO EM PACIENTES COM DOENÇA DE ALZHEIMER DO TIPO TARDIO

Fernanda Pascuotte¹; Marcela A. S. Pinhel²; Doroteia R. S. Souza³; João C. Cação⁴; Maria R. P. Godoy⁴; Marcelo A. Nakazone⁵; Marcio A. M. Filho⁶; Waldir A. Tognola⁷

1- Aluna de graduação 4º ano de Medicina - FAMERP; 2- Bióloga-Depto.de Biologia Molecular; 3- Docente Depto. de Biologia Molecular; 4- Docente Depto. de Medicina I; 5- Residente-Clinica Médica - Hospital de Base; 6- Residente-Geriatria - Hospital de Base; 7- Docente Depto.de Ciências Neurológicas-FAMERP

e-mail: fepascuotte@yahoo.com.br / watognola@terra.com.br

Doença de Alzheimer (DA) é a principal causa de demência. Caracteriza-se por distúrbio progressivo de memória e demais funções cognitivas. Há referência da participação do colesterol na regulação e clivagem da proteína precursora da beta-amilóide, importante na formação de placas senis na DA. Assim, fatores relacionados ao metabolismo de lipoproteínas e colesterol têm sido estudados, como a proteína de transferência do éster de colesterol (CETP), que transfere éster de colesterol de lipoproteínas de alta densidade (HDL) para lipoproteínas de densidade muito baixa (VLDL), recebendo triglicérides (TG). O polimorfismo CETP-TaqlB é representado pelos alelos B1 e B2, com aumento de risco para a DA na presença do alelo B1. Analisou-se a prevalência de tal polimorfismo em pacientes com DA do tipo tardio e sua influência no perfil bioquímico. Foram estudados 162 indivíduos idosos, com idade acima de 65 anos, sendo 82 com DA do tipo tardio e 80 sem demência. A análise do polimorfismo CETP-TaqlB foi realizada pela técnica de reação em cadeia da polimerase e o fragmento submetido à enzima de restrição Taql. A análise do perfil bioquímico incluiu valores séricos de colesterol total, fração de colesterol de lipoproteínas de baixa densidade (LDLc), HDLc, VLDLc, TG e glicemia de jejum. O alelo B1 destacou-se nos grupos estudo (59%) e controle (57%). O genótipo B1/B2 prevaleceu nos dois grupos (53,3% e 62,5%, respectivamente; $P=0,3267$). Foram observados níveis séricos aumentados de CT, principalmente nos pacientes portadores do genótipo B2/B2 em relação a B1/- (83,3%; 44,4%, respectivamente; $P=0,1748$). Houve entre os controles frequência significativamente maior de valores aumentados de glicemia em portadores de genótipos B1/- (50%), comparado aos pacientes (37%; $P=0,0153$). Em conclusão, não há associação do polimorfismo CETP-Taql B com DA do tipo tardio e perfil lipídico, mas o alelo B1 parece influenciar no aumento da glicemia em idosos sem a doença, o que deve ser investigado.

AVALIAÇÃO DAS ESTRUTURAS ORGANIZACIONAIS DA ATENÇÃO BÁSICA NO CONTROLE DA TUBERCULOSE EM SÃO JOSÉ DO RIO PRETO – SP: FATORES DE ADESÃO DO DOENTE AO TRATAMENTO

Rodrigo D.N. Cano¹; Sílvia H.F. Vendramini²

1- Aluno da 4^o série do curso de graduação em enfermagem da FAMERP; 2- Docente do Departamento de Saúde Coletiva e Orientação Profissional
e-mail: neves.digo@gmail.com / silviave@eerp.usp.br

A adesão ao tratamento da tuberculose (TB), fator importante para o controle da doença, depende das atitudes dos doentes e da qualidade da assistência prestada, além da estruturação/organização dos serviços de saúde. O Programa de Controle da Tuberculose (PCT) no município atende 77% dos doentes TB, em Ambulatórios de Referência (NGA-60 e SAE). O objetivo deste estudo foi avaliar os fatores organizacionais dos serviços de saúde da AB relacionados à adesão do doente ao tratamento de TB no município de São José do Rio Preto sob a ótica do doente. Utilizou-se um instrumento elaborado por Almeida e Macinko (2006) e adaptado para a atenção à TB por Villa e Ruffino Netto (2007). Foram entrevistados 108 doentes de TB. Destes, 83% faziam tratamento supervisionado (TS). 81 % responderam que conseguem consulta médica de controle no prazo de 24 horas e 50% que conseguem fazê-lo por telefone, 42,6% relataram nunca perderem dia de trabalho ou compromisso para irem ao serviço de saúde. 63% sempre receberam cesta básica; 52% nunca receberam vale transporte. 93% responderam nunca ter faltado medicamento na unidade de saúde. 94% nunca se sentiram rejeitados pelos profissionais que os atenderam e, 68% responderam que os profissionais sempre perguntaram se os familiares têm algum sintoma da doença. A adesão dos doentes ao tratamento de TB vem atingindo algumas das metas preconizadas pelo PCT no município. As variáveis relacionadas a cobertura de TS, consulta médica no prazo de 24 horas, benefícios e incentivos e medicamentos aos doentes foram bem avaliadas. Apesar da centralização das ações em Ambulatórios de Referência observa-se um bom desempenho em relação à adesão do doente ao tratamento de TB.

Apoio Financeiro: Bolsa de Iniciação Científica (PIBIC 2007/2008)

FREQUÊNCIA DE MYCOBACTERIUM SP. ISOLADO A PARTIR DE PACIENTES CO-INFECTADOS PELO VÍRUS HIV 1 EM SÃO JOSÉ DO RIO PRETO-SP

Talita Cordeschi¹; Juliana C. Fenley¹; Luciana M. Conceição²; Valéria D. Fraga³; Ricardo L.D. Machado⁴; Célia Franco⁴; Heloisa S.P. Pedro⁵; Andréa R.B. Rossit⁴

1- Aluna de Graduação 6º ano de Medicina; 2- Bióloga do Centro de Investigação de Microorganismos (CIM); 3- Farmacêutica Bioquímica do CIM; 4- Docente do DDIP – FAMERP; 5- Instituto Adolfo Lutz – São José do Rio Preto, SP/ Programa de Pós-graduação em Microbiologia – UNESP Pesquisador Científico.
e-mail: talitacordeschi@hotmail.com / andrea@famerp.br

A tuberculose (TB) é uma doença infecto-contagiosa que teve seu impacto renovado na era moderna após o advento da síndrome da imunodeficiência adquirida (AIDS). O município de São José do Rio Preto (SJRP), região Noroeste do Estado de São Paulo, é considerado prioridade pelos Programas Nacionais de Controle da Tuberculose e da AIDS. A finalidade desse projeto foi avaliar a prevalência do Mycobacterium sp. isolado dos pacientes infectados pelo vírus HIV atendidos nas unidades de saúde referência em HIV/TB da região de SJRP, bem como descrever os aspectos clínicos e sociais dessa população. Cento e noventa e oito indivíduos infectados pelo HIV forneceram 287 culturas de janeiro 2000 a dezembro 2006. Foi realizada uma análise clínico-epidemiológica em registros médicos desses pacientes. Houve uma correlação positiva entre a tuberculose e antecedente prisional ($p = 0,021$). O uso do tabaco reduziu a vida média entre o diagnóstico da tuberculose até óbito ($p = 0,05$). Aproximadamente onze por cento de todas as cepas de Mycobacterium tuberculosis são resistentes a pelo menos uma droga enquanto 3,1% delas, multiresistentes. As micobactérias não-tuberculosas (NTM) totalizaram 35,2% de toda a amostra, sendo encontradas mais frequentemente as espécies do complexo Mycobacterium avium (22,3%), M. fortuitum (5,2%) e M. goodnae (3,1%). Concluímos que a população infectada pelo HIV aqui estudada mostrou elevada prevalência de colonização por NTM, fato preocupante visto que não há protocolos padronizados de tratamento para esses casos. Em um país com as dimensões do Brasil, as diferenças regionais devem ser melhor avaliadas a fim de otimizar o controle e o tratamento destas infecções oportunistas.

Apoio Financeiro: Bolsa de Iniciação Científica PIBIC (2007/2008) / CNPq-FAMERP e Instituto Adolfo Lutz

INFLUÊNCIA DE VARIANTES GENÉTICAS DO RECEPTOR SR-BI NOS NÍVEIS DE HDL EM PACIENTES COM HIPERTENSÃO ARTERIAL SISTÊMICA

Thiago J. Guaiumi¹; Marcela Pinhel²; Giselle F. Sousa³; Greiciane M. Silva⁴; Dorotéia R. S. Souza⁵

1- Aluno de Graduação do 6º ano de Medicina FAMERP; 2, 3 e 4- Núcleo de Pesquisa em Bioquímica e Biologia Molecular - FAMERP; 5- Professor Adjunto II – Responsável pelo Núcleo de Pesquisa em Bioquímica e Biologia molecular - FAMERP.

e-mail: thiagog7@yahoo.com.br / doroteia@famerp.br

Alterações lipídicas aterogênicas causam disfunção endotelial, que se manifesta com aumento da pressão arterial. Nos hepatócitos a remoção da HDL ocorre pela sua interação com a proteína scavenger receptor classe B tipo1 (SR-B1). Variantes desse gene têm sido associadas com níveis baixos de HDLc. Foram objetivos deste: avaliar a associação entre o polimorfismo SR-BI-Apa I: C T e níveis plasmáticos de HDLc, perfil lipídico, glicemia de jejum, em pacientes hipertensos ou não. Foram estudados 144 homens distribuídos em: G1-24 pacientes com HAS e HDLc<40mg/dL; G2-74 pacientes com HAS e HDLc≥40; G3-15 indivíduos sem HAS e HDLc<40mg/dL; G4-31 indivíduos sem HAS e HDLc ≥40mg/dL. Foram submetidos à análise de polimorfismo genético pela técnica PCR-RFLP. Análise estatística incluiu teste χ^2 ou Fisher, OR e teste t, com nível de significância para $p < 0,05$. Destacou-se o alelo C em todos os grupos. Destacaram-se acréscimos nos valores de CT em G2 relacionados aos genótipos $_T$ ($187,6 \pm 40$; mg/dL), comparado a G1 e G3 com o mesmo genótipo ($149,2 \pm 40,5$; $139,6 \pm 60,7$ mg/dL; $P=0,019$ e $P=0,014$; respectivamente). Ainda, para os genótipos $_T$, observou-se, decréscimo nos valores de HDLc em G1 e G3 ($36,9 \pm 3,8$; $34,1 \pm 6,2$ mg/dL) em relação ao mesmo genótipo no G2 ($58,2 \pm 14,4$ mg/dL; $P < 0,0001$). A análise do Odds Ratio para HDLc e glicemia, mostra nos pacientes com HAS valor de chance significativa (1,82; IC 95% = 1,31-2,53; $P < 0,0001$) para presença do genótipo C/C e glicemia alterada. Em conclusão há semelhança na distribuição alélica e genotípica entre os pacientes com HAS e normotensos, indicando ausência de associação entre o polimorfismo SR-BI-Apa I: C T e HAS. A presença do alelo C e genótipo C/C, observada preferencialmente nos grupos com HAS, independente dos níveis de HDLc, sugere seu efeito como fator de risco. Quanto ao perfil lipídico, há sugestão da influência do alelo T no acréscimo dos níveis de HDLc apenas entre os indivíduos normotensos, reforçando seu caráter protetor

ANÁLISE MOLECULAR DOS GENES *GSTM1* E *GSTT1* EM PACIENTES COM CÂNCER DE CABEÇA E PESCOÇO

Cássia V. D. Leme¹; Luiz S. Raposo²; Mariângela T. Ruiz³; Joice M. Biselli³; Ana L. S. Galbiatti⁴, José V. Maniglia⁵, Érika C. Pavarino-Bertelli⁶, Eny M. Goloni-Bertollo⁷.

1- Aluna de graduação do 4º ano de Medicina da FAMERP – Bolsista PIBIC CNPq2007-2008/2008-2009; 2- Professor do Departamento de Otorrinolaringologia e Cirurgia e Cabeça e Pescoço da FAMERP/FUNFARME – Bolsista BAP-FAMERP; 3- Doutoranda em Ciências da Saúde –FAMERP; 4- Mestranda em Ciências da Saúde –FAMERP; 5- Professor Livre Docente do Departamento de Otorrinolaringologia e Cirurgia de Cabeça e Pescoço - FAMERP; 6- Professora Adjunta do Departamento de Biologia Molecular – FAMERP; 7- Professora Livre Docente do Departamento de Biologia Molecular - FAMERP.

e-mail: dra_cvdl@yahoo.com.br / eny.goloni@famerp.br

Dentre as neoplasias malignas de cabeça e pescoço o tipo histológico predominante é o carcinoma de células escamosas, cujos fatores de risco são tabagismo e etilismo. Estudos dos polimorfismos de deleção *GSTT1* e *GSTM1* realizados neste tipo de câncer são contraditórios: alguns demonstram associação com genótipo nulo *GSTM1*, enquanto outros não; o mesmo ocorre para o genótipo nulo *GSTT1*. Este trabalho tem como objetivo identificar os genótipos nulos dos genes *GSTT1* e *GSTM1* em 200 pacientes com câncer de cabeça e pescoço e comparar essas frequências com as observadas em 200 indivíduos sem história de neoplasia e avaliar sua distribuição de acordo com as características clínico-patológicas. A análise molecular foi realizada pela técnica de PCR multiplex. Para a análise estatística, foram utilizados os testes Exato de Fisher, qui-quadrado e regressão logística múltipla. Na análise de 100 pacientes e 100 indivíduos foram identificados o genótipo nulo do gene *GSTT1* em 47% dos pacientes e 41% dos controles (OR= 0,67; IC 95%= 0,34-1,35; p= 0,2648); e o genótipo nulo do gene *GSTM1* em 34% dos pacientes e 25% dos controles (OR= 2,25; IC95%= 1,05-4,84; p= 0,0368). A análise dos genótipos combinados demonstrou associação entre *GSTM1**0/*GSTT1* e a ocorrência da doença (OR= 7,64; IC 95%= 1,72-34,04; p= 0,0076). A análise dos parâmetros clínicos permitiu identificar associação entre genótipo *GSTT1* nulo e neoplasia na laringe, o inverso ocorrendo entre este genótipo e faringe. Os resultados deste trabalho sugerem a associação entre nulidade do genótipo *GSTM1* e ocorrência de câncer de cabeça e pescoço.

Apoio Financeiro: Bolsa de Iniciação Científica (CNPq-PIBIC 2007/2009), CNPq, FAPESP,

PREVALÊNCIA DE SÍNDROME METABÓLICA E DOSAGEM DE ESTRESSE OXIDATIVO EM PACIENTES COM CRISE HIPERTENSIVA

Cristina H. Kuniyoshi¹; André N. R. Abdo¹; Renan O. V. de Melo¹; Marcela A. de S. Pinhel²; Gisele F. de Sousa²; Dorotéia R. S. Souza³; José F. V. Martin⁴

1- Acadêmicos de Medicina da FAMERP; 2- Biólogas – Núcleo de Pesquisa em Bioquímica e Biologia Molecular/FAMERP; 3- Professora Doutora e Coordenadora do Núcleo de Pesquisa em Bioquímica e Biologia Molecular/FAMERP; 4- Professor Doutor e Coordenador da Clínica de Hipertensão da FAMERP

e-mail: hiromichk@yahoo.com.br / vilelamartin@uol.com.br

São escassos os estudos sobre prevalência de síndrome metabólica (SM), influência de estresse oxidativo e sua associação com eventos cardiovasculares. Este estudo teve como objetivo avaliar a prevalência, perfil, apresentação clínica e fatores de risco em indivíduos com crise hipertensiva (CH), identificar prevalência de SM em pacientes com CH, avaliar o estresse oxidativo e a capacidade antioxidante dos pacientes com CH. Foram avaliados 362 indivíduos com idade ≥ 18 anos no período de um ano, apresentando elevação dos níveis de pressão arterial (PA) diastólica ≥ 120 mmHg e sintomáticos, caracterizando CH. Foram submetidos a dosagem de perfil bioquímico, malondialdeído (MDA) e capacidade antioxidante total (TEAC) e seus dados antropométricos foram avaliados. Aplicou-se análise estatística, teste “t” de Student e “ χ^2 ”, admitindo-se nível de significância para $P < 0,05$. Foram analisados 131 casos de Urgência Hipertensiva (UH) (36,18%) e 231 casos de Emergência Hipertensiva (EH) (63,81%). Constataram-se óbitos em 2,85% dos pacientes da UH, e 9,66% na EH. Na análise geral dos três grupos evidenciou-se risco de morte de 3,78 vezes em G1 versus G2 (IC: 95%: 3,14 a 4,55; $p < 0,0005$). Destacou-se sedentarismo em todos os grupos (78,3% a 88,8%), enquanto que HAS prevaleceu em G3 (93,8%) em relação a G1 (84,3%, $P=0,04$). Observou-se elevação dos níveis de TG em G2 ($132,0 \pm 71,0$ mg/dL) comparado a G1 ($107,8 \pm 82,9$ mg/dL, $P=0,02$) Todos os grupos apresentaram síndrome metabólica, cujos valores variaram de 75,3% a 78,9%. Em relação aos parâmetros de estresse oxidativo, não observou-se diferença significativa entre os grupos quanto aos valores de TEAC e MDA. Na avaliação da influência dos fatores de riscos, sedentarismo associou-se com aumento dos níveis de MDA (926 ± 739 ng/dL) comparado aos não sedentários (682 ± 316 ng/dL $P < 0,002$). Síndrome metabólica está presente em alto percentual de indivíduos com crise hipertensiva e pacientes sedentários tiveram um estresse oxidativo maior.

Apoio Financeiro: Bolsa de Iniciação Científica (PIBIC 2007/2008) / Bolsa de Auxílio à Pesquisa (BAP 2207/2008)

ASSOCIAÇÃO ENTRE MALÁRIA POR PLASMODIUM FALCIPARUM E O SUBGRUPO O1 E O1V DO SISTEMA ABO DE INDIVÍDUOS DA AMAZÔNIA BRASILEIRA

Alexandre B. Cosimo¹; Danila B. Carvalho²; Andréa R. B. Rossit³; Luiz C. Mattos⁴; Wanessa C. Souza-Neiras⁵; Luciane M. S. Melo⁶; Ricardo L. D. Machado⁷

1- Aluno de Graduação do 4º ano de Medicina da FAMERP - Bolsista PIBIC 2007- 2008; 2- Pós-graduanda - mestrado - Microbiologia - IBILCE/UNESP; 3- Professora Adjunta Doutora do Departamento Doenças Dermatológicas Infecciosas e Parasitárias da FAMERP; 4- Pós-graduanda – doutorado – Genética – IBILCE/UNESP – Bolsista CNPq; 5- Professor Adjunto Doutor do Departamento de Biologia Molecular da FAMERP; 6- Pós-graduanda - doutorado – Genética - IBILCE/UNESP; 7- Professor Adjunto Doutor do Departamento Doenças Dermatológicas Infecciosas e Parasitárias da FAMERP; e-mail: xandecosimo@hotmail.com / ricardomachado@famerp.br

Estudos em áreas endêmicas do mundo, principalmente África e Ásia, demonstram uma relação entre malária e o sistema histo-sangüíneo ABO. Em contrapartida, estudos fenotípicos realizados no Brasil, na Colômbia e no Sudão, não confirmaram esta hipótese. Portanto, considerando-se a grande diversidade étnica da população brasileira na região da Amazônia Legal, e conseqüentemente os polimorfismos encontrados no sistema ABO de pacientes maláricos, uma associação positiva entre eles pode promover relevantes informações para a prevenção e o controle desta nosologia. Este projeto teve como objetivo avaliar a associação entre os genótipos dos subgrupos O1 e O1v, do sistema sangüíneo ABO e a malária causada por Plasmodium falciparum em indivíduos da Amazônia Brasileira. O processo metodológico usado para a genotipagem dos grupos e subgrupos do sistema sangüíneo ABO foi o protocolo de PCR/ RFLP em amostras de indivíduos maláricos e não maláricos provenientes dos estados: Amapá, Pará, Rondônia e Acre. Foi encontrado nas 30 amostras de indivíduos maláricos estudadas, como genótipo mais presente o O¹vO¹v, representando 40% dos indivíduos deste grupo, enquanto o genótipo O1O2 foi o menos freqüente (6,66%). Encontrou-se o alelo O¹v em homozigose em 33% dos indivíduos maláricos e em 40,74% das amostras de indivíduos não maláricos. As formas heterozigotas do alelo O¹v apareceram em 37% dos doadores de sangue, e o genótipo O1O2 foi o menos freqüente, correspondendo a 3,7% das amostras. Não foi evidenciado, nas amostras estudadas, o alelo O2 em sua forma homozigota. Não houve diferença estatística entre as freqüências tanto genotípicas quanto alélicas nos grupos estudados. Sendo assim, conclui-se que os subgrupos do grupo histo-sangüíneo O não estão associados à infecção malárica na amostra estudada. A sua freqüência pode ser um dos fatores que contribuam para a uma baixa casuística de malária grave na Amazônia brasileira.