

ESTUDO DA INFLAMAÇÃO PELA VIA DE EXPRESSÃO GÊNICA DAS SELENOPROTEÍNAS EM PACIENTES RENAI CRÔNICOS (APOIO UNIP)

Aluna: Kamila dos Santos Batista

Orientadora: Profa. Dra. Flávia de Sousa Gehrke

Curso: Biomedicina

Campus: Paraíso

A Doença Renal Crônica (DRC) é considerada uma epidemia silenciosa. No Brasil, estima-se que 15 milhões de pessoas são atingidas pela DRC. A Taxa de Filtração Glomerular (TFG) identifica o grau da perda de função dos rins. Biomarcadores são úteis para estimar a TFG e otimizam o diagnóstico precoce da DRC, entretanto, há algumas limitações. As selenoproteínas possuem funções e capacidade antioxidantes sendo eficazes marcadores de estresse oxidativo. A pesquisa objetivou verificar o envolvimento das selenoproteínas na DRC, observando sua expressão pelo RT-PCR real time. Para tanto, o sangue periférico de oito (08) pacientes portadores de DRC em hemodiálise e de 6 amostras do grupo controle foram coletados em tubos contendo EDTA. A extração de RNA e a síntese de cDNA foram realizadas de acordo com as recomendações dos respectivos kits: QIAamp RNA blood mini e Superscript II RNase RT. O RT-PCR foi realizado com auxílio dos oligonucleotídeos específicos SeP e o gene endógeno GAPDH. Os resultados obtidos indicam que a média de idade foi de 53 anos, sendo 50% do sexo masculino e 50% sexo feminino. Todos apresentaram hipertensão arterial sistêmica e 64% possuíam DM. Conclui-se que após condicionamento cardíaco no grupo controle e grupo de pacientes, não foi constatada correlação estatística entre os níveis de expressão das selenoproteínas. Tais resultados podem ser atribuídos ao fato de o número de pacientes ser reduzido ou ainda porque as análises foram realizadas com apenas o primeiro ponto pós-condicionamento. Porém, houve diminuição da ureia pós-condicionamento. Essa informação pode ter um significado importante no diagnóstico e

prognóstico da doença, sendo necessários novos testes com um “n” maior de amostras.