



Trabalhos Científicos

Título: Avaliação Da Prevalência De Malformações Extra Tireoidianas Associadas Ao Hipotireoidismo Congênito.

Autores: VANESSA BARROS VIEIRA (HOSPITAL DAS CLÍNICAS DA UFMG), VERA MARIA ALVES DIAS, IVANI NOVATO SILVA, NEDSTÂNI DE FREITAS SOARES, TAMIRES LAMAS FERREIRA, MARIANA PANDOLFI PIANA, JÁDERSON MATEUS VILELA ANTUNES

Resumo: Introdução: em pacientes com Hipotireoidismo congênito (HC) é observada associação frequente com malformações extra tireoidianas. Recentemente, foram identificadas mutações em fatores de transcrição associadas a essas anormalidades. Objetivos: avaliar a prevalência das malformações extra tireoidianas dos pacientes com HC diagnosticados por Programa de Triagem Neonatal (PTN). Metodologia: trata-se de estudo de caráter retrospectivo por meio da análise de prontuários e dados do sistema eletrônico do PTN. Foram incluídos pacientes triados entre janeiro de 2003 a abril de 2018. O diagnóstico de HC foi realizado pelos níveis de TSH papel filtro (10 mUI/L) e confirmados pelos valores séricos de TSH maiores que 5,6 mUI/ml. A análise estatística incluiu testes de comparação e correlação, considerando nível de significância menor que 0,05. Resultados: amostra foi composta por 946 pacientes, sendo que 160 deles (16,9) apresentavam alguma malformação extra tireoidiana. Desses, 81 (50,6) tinham malformações isoladas, 65 (40,6) síndromes genéticas e 14 (8,8) malformações múltiplas. Os pacientes sem malformações (786) apresentaram maiores valores de TSH na 1ª amostra de papel filtro, com variação de 13,83 a 116,3 (p0,001), na 2ª amostra em papel filtro, de 12,3 a 33 (p=0,002) e no soro de 22,59 a 268,1 (p0,001). Conclusão: pacientes com HC apresentam significativa prevalência de malformações extra tireoidianas. Todavia, neste estudo, os valores de TSH à triagem e em primeiro exame sérico não mostraram-se indicadores da possível presença de malformações associadas ao HC. As alterações encontradas reforçam a importância de exame minucioso para pesquisa de HC sintomático e sugerem a necessidade de estudo mais amplo para pesquisa de mutações específicas em cada grupo.