



26º CONGRESSO BRASILEIRO DE
PERINATOLOGIA
Florianópolis-SC

#NeoJuntos
11 A 14
DE OUTUBRO
CentroSul Florianópolis
Av. Gov. Gustavo Richard, 850 - Centro, Florianópolis - SC



Trabalhos Científicos

Título: Perfil De Expressão Dos Genes Envolvidos Na Via De Sinalização Do Nf-Kb Na Sepse Neonatal Tardia: Valor Potencial No Diagnóstico E Prognóstico

Autores: FERNANDA NUNES (FMUSP), ANDREIA RANGEL-SANTOS (HCFMUSP), MARIA HELENA BAPTISTA DA SILVA (FMUSP), MARIA ESTHER CECCON (HCFMUSP), WERTHER BRUNOW DE CARVALHO (FMUSP), MAGDA CARNEIRO-SAMPAIO (FMUSP), PATRICIA PALMEIRA (HCFMUSP)

Resumo: [INTRODUÇÃO] - A disponibilização de um painel de biomarcadores gênicos, que diferencie precocemente recém-nascidos (RN) infectados dos não infectados e, ainda, identifique diferentes padrões de resposta causados por patógenos distintos, pode ter impacto na morbidade da sepse neonatal tardia. [OBJETIVOS] - Analisar a expressão de genes envolvidos na via do fator nuclear-Kappa B (NF-kB) em RN com sepse tardia clínica e comprovada causada por bactérias Gram-positivas (G+) e negativas (G-), no dia do diagnóstico. [METODOLOGIA] - Foram coletadas amostras de sangue de 12 RN com sepse causada por bactérias G+, 9 RNs com sepse por bactérias G-, 11 RNs com sepse clínica e 21 RN sem sinais de infecção (grupo controle). A expressão gênica foi avaliada por RNA-Seq, utilizando um painel com 118 genes pertencentes à via de sinalização do NF-kB. [RESULTADOS] - A avaliação da expressão revelou 11 genes diferencialmente expressos (DEG) no grupo G+, 22 genes no grupo G- e 12 genes no grupo sepse clínica em relação aos controles. Em todos os grupos de sepse, observamos a hiperexpressão do gene MMP9 e a hipoexpressão do CXCL2 e nos grupos de sepse comprovada, a hiperexpressão do gene MBL2. Os DEG MMP9, MBL2, IL-12B, ESM1 e TREM1 foram validados funcionalmente por ELISA e PCR em tempo real. Os resultados revelaram que os genes MMP9 e MBL2 são importantes para identificação de casos de sepse comprovada. No grupo sepse clínica, foi observado um perfil de expressão diferente, sem alteração na expressão do gene MBL2, porém com hiperexpressão do IRF1, sugerindo uma possível infecção viral não identificada. O gene TREM1 constituiu um possível preditor de mau prognóstico para a sepse neonatal tardia, pois se revelou alterado nos casos que foram à óbito em relação aos que tiveram alta. [CONCLUSÃO] - Os genes MMP9, MBL2, ESM1 e TREM1 codificam proteínas envolvidas na patogênese da sepse neonatal e apresentam potencial para serem marcadores gênicos e o gene TREM1 ainda apresenta potencial como marcador de prognóstico da sepse neonatal tardia.