

**ANÁLISE DOS POLIMORFISMOS DE DNA ECA I/D, PAI-1 4G/5G E MTHFR C677T EM PACIENTES COM INSUFICIÊNCIA RENAL CRÔNICA SUBMETIDOS À HEMODIÁLISE.** Nunes A , Thofehrn S , Milani V , Rossato L , Porsch D , Bonatto J , Polese M , Mattos C , Formoso A , Barros E . Grupo de Estudos em Nefropatias Hereditárias / PPG Ciências Médicas: Nefrologia . HCPA - UFRGS.

Fundamentação:Diversas comorbidades têm sido associadas a etiopatogenia da insuficiência renal crônica (IRC). Os genes da Enzima Conversora de Angiotensina (ECA), do Inibidor-1 do Ativador do Plasminogênio (PAI-1) e da Metilenotetrahidrofolato Redutase (MTHFR) possuem polimorfismos que têm sido estudados como fatores de risco para diversas doenças, inclusive a IRC. Objetivos:O objetivo desse estudo é descrever os genótipos dos polimorfismos ECA I/D, PAI-1 4G/5G e MTHFR C677T em pacientes submetidos à hemodiálise em de 3 municípios do sul do Brasil. Causística:Foram investigados 292 pacientes caucasóides, randomicamente selecionados em 15 (quinze) serviços de Porto Alegre, 1 (um) serviço de Camaquã e 1 (um) de São Lourenço do Sul. As amostras de DNA foram extraídas a partir de sangue periférico. Os polimorfismos de DNA foram analisados por PCR. Resultados:A faixa etária media encontrada foi de  $45,58 \pm 8,11$ . As frequências dos genótipos C677T encontradas são as seguintes: CC (0,25), CT (0,55) e TT (0,20). Para o polimorfismo ECA I/D foram encontrados os dados: DD (0,69), ID (0,23) e II (0,08). Os genótipos PAI-1 4G/5G observados foram: 4G4G (0,61), 4G5G (0,23) e 5G5G (0,16).A amostra encontra-se em equilíbrio de Hardy-Weinberg. Ao compararmos os dados encontrados nos pacientes em hemodiálise com as frequências genotípicas e alélicas de indivíduos não portadores de IRC, não observamos diferenças estatisticamente significativas.Conclusões:Nossos dados estão de acordos com outros descritos em caucasianos europeus e norte-americanos e sugerem que esses polimorfismos poderão ser usados como marcadores moleculares para o prognóstico da IRC. Contudo, a avaliação de um grupo maior de pacientes poderá favorecer a compreensão da dinâmica populacional desses polimorfismos, uma vez que não foram avaliados pacientes não-caucasóides nessa amostra.