

086

INTERAÇÃO ENTRE OS POLIMORFISMOS DO GENE DA SUPERÓXIDO DISMUTASE DEPENDENTE DE MANGANÊS (ALA16VAL, SOD2) E DO RECEPTOR 2 A DA SEROTONINA (T102C, 5-HT2A) COM FATORES DE RISCOS CARDIOVASCULARES.

Mariete Bevilaqua, Cristiane Köhler Carpilovsky, Maria Izabel Ugalde Marques da Rocha, Luis Carlos Bodanese, Maria Gabriela Gottlieb, Pedro Antonio Schmith do Prado Lima, Marta Duarte, Ivana Beatrice Manica da Cruz (orient.) (UFSM).

Introdução: Estudos epidemiológicos sugerem que riscos cardiovasculares clássicos explicam cerca de 60% dos eventos coronarianos. Assim, a identificação de outros fatores de risco (genéticos ou ambientais) é de interesse para a saúde pública, uma vez que as doenças cardiovasculares são a principal causa de mortalidade no mundo. Investigações prévias e independentes têm sugerido que o genótipo VV do polimorfismo Ala16Val da SOD2 e o genótipo TT do polimorfismo T102C do gene 5-HT2A estão associados a estas morbidades. Entretanto, análises de interação entre estes polimorfismos na modulação de fatores de risco foram pouco exploradas. **Objetivo:** investigar a interação do polimorfismo Ala16Val da SOD2 e T102C do 5-HT2A na modulação de variáveis biológicas de risco cardiovascular em idosos. **Metodologia:** o estudo faz parte de um projeto (4-Vita) que investiga a interação SOD2/5-HT2A e que engloba análise retrospectiva e prospectiva (populacionais e in vitro). A avaliação retrospectiva foi conduzida do cruzamento de dois bancos de dados [Gottlieb et al. (Genet. Mol. Res 4: 691-703, 2005) e Prado-Lima et al. (Am.J.Med.Genet. 128:90-3, 2004)] e os resultados são aqui apresentados a partir de análises estatísticas univariadas. **Resultados:** avaliação incluiu 136 idosos (24 homens/112 mulheres, 67, 30+7, 11 de idade). Portadores TT+VV apresentaram maior índice de massa corporal (IMC, $p=0,025$), % de gordura corporal, $p=0,023$, de glicose ($p=0,006$) e pressão arterial sistólica (PAS, $p=0,0001$). Portadores C₊+VV apresentaram níveis mais baixos de MDA (dano oxidativo, $p=0,008$), PAS ($p=0,05$) e PAD ($p=0,046$). **Conclusão:** os resultados sugeriram interação dos genes na modulação de fatores de riscos cardiovasculares. O aumento do tamanho amostral são necessários para confirmar os resultados obtidos.