

# Investigação da influência do polimorfismo rs2069845 no gene *IL-6* na Doença Arterial Coronariana

Thaís Fernanda Dornelles<sup>1</sup>, Verônica Contini<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Autor principal, acadêmica do curso de Biomedicina, Centro Universitário UNIVATES

<sup>2</sup> Orientadora, Programa de Pós Graduação em Biotecnologia, Centro Universitário UNIVATES

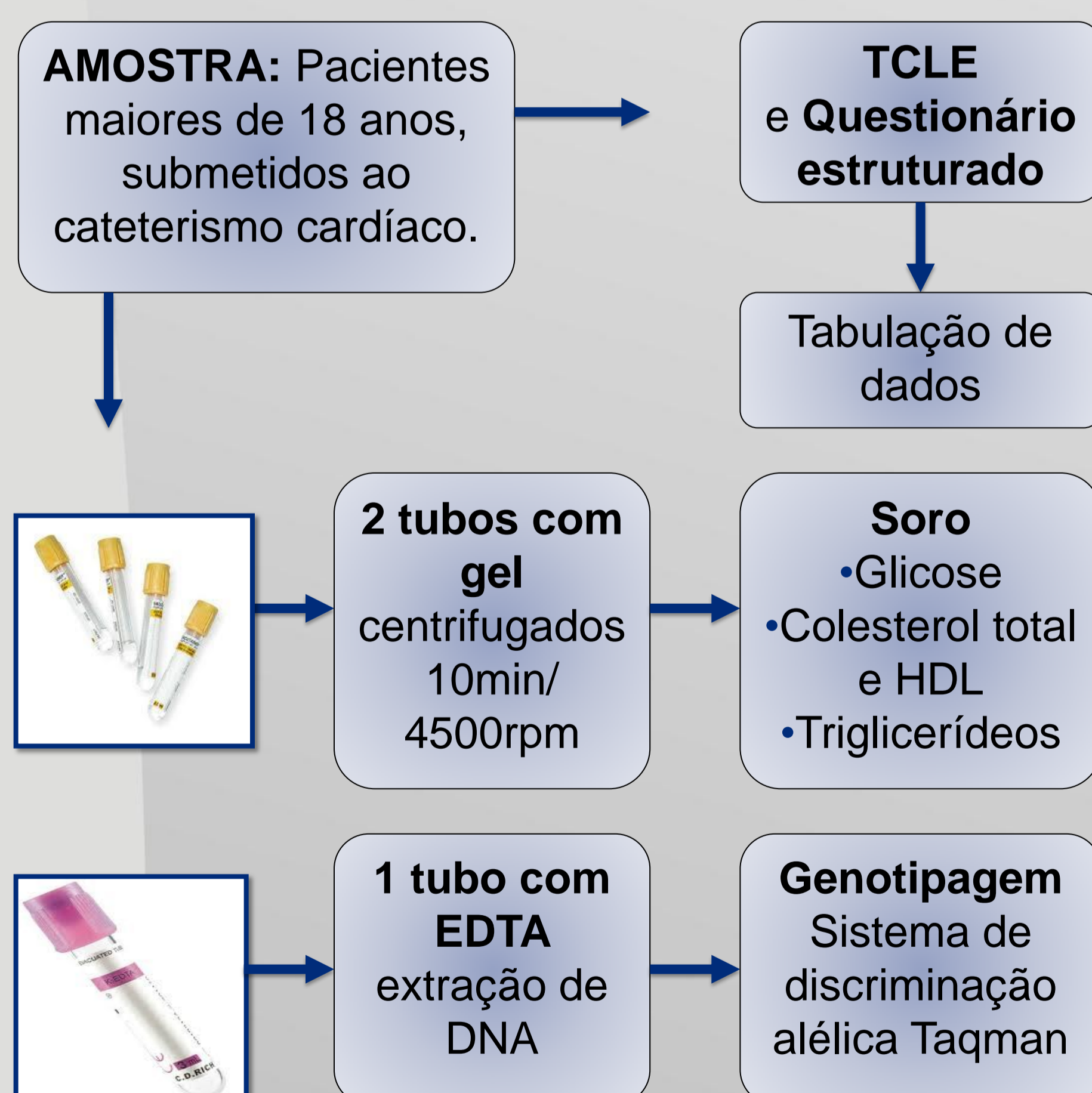
## INTRODUÇÃO

A doença arterial coronariana (DAC) é uma doença inflamatória crônica, multifatorial, causada pela aterosclerose, que se caracteriza pela formação de placas no interior dos vasos, resultantes de um processo inflamatório. Sabe-se que a interleucina-6 (*IL-6*) atua tanto na estimulação de proteínas envolvidas no processo inflamatório agudo, como participa também da regulação do metabolismo lipídico, essenciais no surgimento da placa. Estudos tem sugerido o envolvimento de polimorfismos da região cromossômica 7p21, onde se encontra o gene *IL-6*, no desenvolvimento da DAC.

## OBJETIVOS

O objetivo deste trabalho é investigar a possível associação do polimorfismo rs2069845, localizado no gene *IL-6*, com o risco de DAC, em uma amostra de pacientes submetidos ao exame de cateterismo cardíaco no Hospital Bruno Born, de Lajeado, RS.

## METODOLOGIA



Os pacientes foram classificados em um escore de risco de DAC (baixo, intermediário e alto), de acordo com a V Diretriz Brasileira de Dislipidemias e Prevenção da Aterosclerose da Sociedade Brasileira de Cardiologia (2013).

## RESULTADOS

- ✓ Foram incluídos no estudo 337 pacientes, dos quais 331 foram classificados no escore de risco de DAC. Destes, 25 foram classificados como baixo risco (7,6%), 101 em risco intermediário (30,5%) e 205 em alto risco (61,9%).
- ✓ As frequências alélicas para o polimorfismo rs2069845 foram 0,43 para o alelo A, e 0,57 para o alelo G.
- ✓ As frequências genotípicas observadas foram: GG (19,6%), AA (33,5%), e AG (46,9%), e estão de acordo com o esperado para o equilíbrio de Hardy-Weinberg.
- ✓ Não foi observada associação entre os genótipos do polimorfismo e o escore de risco da DAC ( $p=0,31$ ). A avaliação das variáveis clínicas também não evidenciou associações significativas.

## CONCLUSÕES

Os nossos resultados não evidenciaram uma associação direta do polimorfismo estudado no escore de risco de DAC na nossa amostra, assim como nas variáveis clínicas. Porém, esse projeto já consta com 716 amostras coletadas, no qual as análises ainda não foram realizadas. Assim, espera-se a conclusão das análises bioquímicas e genéticas em todos os indivíduos coletados para uma melhor compreensão do possível efeito deste polimorfismo na DAC.

- ✓ O estudo foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa do Centro Universitário UNIVATES.

**Apoio financeiro: FUVATES**