

VARIANTE ALA DA SUPERÓXIDO DISMUTADE DEPENDENTE DE MANGANÊS (MNSOD-ALA) EM PACIENTES SÉPTICOS INTERNADOS EM UTI. Francis Jackson Paludo, Fernando S Dias, Gilson L Cunha, Luis Glock, Maristela Taufer, Clarice Sampaio Alho (orient.) (PUCRS).

Em resposta à infecção bacteriana, macrófagos liberam citoquinas à circulação sistêmica, induzindo ativação generalizada de cascatas inflamatórias e dano oxidativo intracelular. A enzima superóxido dismutase dependente de manganês (MnSOD) é um potente antioxidante intracelular codificada por um gene (SOD2; 6q25-2) que tem sua expressão induzida pelos mediadores inflamatórios. O gene SOD2 apresenta um polimorfismo de mutação de base C<sub>47</sub>®T no exon 2, o qual resulta na substituição do resíduo 16 (Ala<sub>16</sub>®Val) pertencente ao peptídeo sinal da proteína. Foi observado que a isoforma MnSOD-Val apresenta dificuldade para ser processada na mitocôndria quando comparada a MnSOD-Ala. 86 indivíduos adultos de ambos sexos internados na unidade de tratamento intensivo (UTI) do Hospital São Lucas (POA/RS) foram genotipados quando ao polimorfismo C<sub>47</sub>®T do gene SOD2. As frequências totais de genótipos (TT=0, 29; TC=0, 45; CC=0, 26) e alelos (T=0.48; C=0.52) mostraram que a amostra está em equilíbrio de Hardy-Weinberg (Pearson chi-square, p=0, 78). Os pacientes foram, divididos em duas categorias, segundo o genótipo: (I) CC+CT (n=64) (II) TT (n=22): homozigotos para o alelo T. Não foram observadas diferenças estatisticamente significantes entre o sexo, tempo de internação hospitalar ou idade do paciente nos grupos de genótipos (Pearson chi-square; p=0.29, Kruskall-Wallis; p=0.63 e ANOVA; p=0.41, respectivamente). Da mesma forma, não foram observadas diferenças significativas entre o grau de disfunção orgânica obtido no dia da admissão do paciente na UTI, para qualquer um de três instrumentos de medida de disfunção orgânica (APACHE, MODS e SOFA) em relação aos genótipos (ANOVA; p=0.69, p=0.49 e p=0.72, respectivamente). Observou-se diferença significativa entre a ocorrência de sepse em relação ao genótipo, sendo que a ocorrência de sepse entre os indivíduos CC+CT foi de 5, 37 vezes em relação aos TT (IC=[1, 05; 9, 77]; Pearson chi-square test; p=0, 02).