

256

AValiação de Polimorfismo Presente no Gene da Apolipoproteína A-I (APOA-I) em Pacientes Dislipidêmicos com Doença Arterial Coronariana.

Paulo Fernando Perizzolo, Paulo Picon, Ana Beatriz Ramos, Maristela Flores, Marcia Nunes Silva, Maria Lucia Rossetti, Nadine Claussel, Moarcir Wajner, Andry Costa, Claudia Dornelles da Silva (orient.) (ULBRA).

As dislipidemias são um dos principais fatores de risco para o surgimento de doenças cardiovasculares, pois alterações metabólicas nos níveis de lipídios circulantes do sangue estão associadas à aterosclerose. Distúrbios nos níveis de lipídios e lipoproteínas podem ser resultado do comportamento alimentar e/ou serem devidos à variações genéticas individuais. Pesquisas em genes envolvidos com o metabolismo de lipídios têm auxiliado no entendimento da suscetibilidade ao desenvolvimento de doenças cardiovasculares. A identificação de dois polimorfismos em regiões não traduzidas do gene da APOA-I com substituições G/A (-75 pb) e C/T (+83 pb) (alelos *M1* e *M2*) parece estar associada à alterações nas concentrações dos lipídios séricos, à doença arterial coronariana (DAC) e ainda à hiperlipidemia familiar. Diante do exposto, o presente projeto de pesquisa tem como objetivo investigar a presença de polimorfismos no gene APOAI em pacientes com doença arterial coronariana atendidos no Ambulatório de Dislipidemia do Hospital de Clínicas de Porto Alegre, visando contribuir para o conhecimento da frequência de polimorfismos na população estudada. Dados clínicos, epidemiológicos e bioquímicos serão coletados e comparados com dados moleculares. Até o momento, procedeu-se a coleta e extração de DNA de 30 amostras de sangue. O diagnóstico molecular consiste na amplificação dos fragmentos de DNA pela técnica de Reação em Cadeia da Polimerase (PCR). A padronização da PCR para o gene APOA-I foi definida nas seguintes condições: 94°C em 5'; 35x de 94° em 30'', 58° em 45'', 72° em 30''; 72° em 10'. O trabalho, em fase inicial, pretende genotipar os DNAs, através da clivagem dos fragmentos de 433 pb gerados na PCR com a enzima de restrição *MspI*. A identificação dos alelos *M1* (177pb) e *M2* (255 pb) fornecerá dados sobre a prevalência dos polimorfismos na população estudada e os riscos associados aos distúrbios do metabolismo de lipídios.