



Pesquisa do polimorfismo I/D do gene que codifica a enzima conversora de angiotensina em indivíduos com Síndrome Metabólica

Nathiele Schonhofen¹, Fabrício Edler Macagnan², Ana Maria Pandolfo Feoli², Virginia Minghelli Schmitt¹ (orientador)

¹Faculdade de Farmácia - FFARM, ²Faculdade de Enfermagem, Nutrição e Fisioterapia – FAENFI, PUCRS

Resumo

O objetivo deste estudo foi determinar o genótipo de indivíduos com Síndrome Metabólica (SM) para o polimorfismo I/D do gene que codifica a enzima conversora de angiotensina (ECA).

A SM é uma entidade complexa que associa fatores de risco cardiovasculares bem estabelecidos, como hipertensão arterial, hipercolesterolemia e diabetes, usualmente relacionados à deposição central de gordura e resistência à insulina, estando associada a um aumento estimado da mortalidade cardiovascular em 2,5 vezes.

A ECA ocupa uma posição chave no sistema renina-angiotensina, sendo responsável pela transformação de angiotensina I em angiotensina II e pela inativação da bradicinina. O polimorfismo I/D da ECA é representado pela deleção (alelo D) ou inserção (alelo I) de uma sequência *Alu* de 290pb, estando o alelo D associado a uma maior expressão da enzima, resultando em maior atividade sérica nos indivíduos com genótipo DD e diminuída nos II.

O DNA do sangue dos voluntários foi extraído com método padrão e ressuspendido em 100µL e analisado por reação em cadeia da polimerase (PCR) As condições da reação foram 10mM Tris-HCl pH8,5, 50mM de KCl, 2mM MgCl₂, 20pmol de cada primer (direto e reverso), 200uM da mistura de desoxirribonucleotídeos trifosfatados (dNTPs), 1 unidade de *Taq* DNA polimerase, dimetilsulfóxido (DMSO) 1%. O programa de amplificação consistiu de uma fase de desnaturação inicial de 3 minutos a 94°C; 30 ciclos de 94°C por 1 minuto, 52°C por 1 minuto, 72°C por 1 minuto, seguidos de uma extensão final de 5 minutos a 72°C. A visualização dos amplicons gerados foi feita em luz ultravioleta após eletroforese em gel de agarose 1,5% contendo brometo de etídio. O alelo I gera um fragmento de 480 pares de base

(pb) e o alelo D, de 190 pb. Para confirmação da presença do alelo I, é realizada uma PCR utilizando um primer que hibridiza na sequência de inserção e o primer reverso utilizado na reação anterior. O fragmento gerado é de 160pb.

Até o momento foram analisadas 38 amostras, com 2 (5,3%) apresentando genótipo DD, 27 (71,0%) genótipo DI e 9 (23,7%) genótipo II. A frequência alélica observada foi de 0,41 para a variante alélica D e 0,59 para I. Estes resultados parciais sugerem uma maior frequência da variante I, porém estes são dados preliminares e as considerações finais serão apresentadas somente após concluída a análise de todos os participantes do estudo.