

ANÁLISIS DE FACTORES GENÉTICOS DE RIESGO ASOCIADOS AL ESTRÉS OXIDATIVO EN MIOCARDIOPATÍA CHAGÁSICA CRÓNICA.

DIVIANI R¹, LIOI S¹, GERRARD G¹, CERUTI MJ¹, BELOSCAR J², D'ARRIGO M¹.

1. Área Química Analítica Clínica Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas

2. Servicio y Carrera de Cardiología Facultad de Ciencias Médicas

Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe, Argentina.

INTRODUCCIÓN: Diferentes estudios sugieren que el huésped podría responder al estrés oxidativo inducido por el *Trypanosoma cruzi* (Tc), mediante la activación de la defensa antioxidante. En la Miocardiopatía Chagásica Crónica (MCC), la inflamación progresiva podría modificar el estado antioxidante celular. Enzimas involucradas en el estrés oxidativo controlarían la generación de especies reactivas del oxígeno.

OBJETIVOS: Se intenta establecer el rol de polimorfismos genéticos de superóxido dismutasa dependiente de Mn (SODMnAla⁹Val) y de catalasa (CATC272T), enzimas involucradas en el estrés oxidativo, como probables factores de riesgo de MCC.

MATERIAL Y MÉTODOS: Se analizaron 4 grupos de individuos: chagásicos sin MCC (ECsinMCC n:25), chagásicos con MCC (MCC n:33), con cardiopatía no chagásica (CnoC n: 45) y controles (C n: 55) de similares características, a los cuales se les realizó examen cardiovascular, electrocardiograma, radiografía de tórax y otros exámenes complementarios. Se analizaron las actividades enzimáticas de SOD y GPX y CAT por métodos espectrofotométricos, la caracterización molecular y genotipificación de los polimorfismos fue realizada por PCR-RFLP. Para el estudio estadístico se realizó análisis de variancia a un criterio de clasificación para cada enzima y se aplicó Kruskal Wallis. El nivel de significancia se estableció en $p < 0,05$. Para comparar las FG se realizó el ensayo de hipótesis de una proporción bajo teoría normal, del cual se evidencia que existen diferencias significativas entre ECsinMCC, MCC y CnoC.

RESULTADOS: El análisis de las FG (IC 95%) para CAT (C272T) fue CnoC: CC= 0.68, CT= 0.32; ECsinMCC: CC=0.84, CT= 0.16; MCC: CC= 0.70, CT= 0.30; C: CC= 0.64, CT= 0.36 y para SODMn (Ala⁹Val) fue CnoC: Ala-Ala= 0.54 Ala-Val= 0.36, Val-Val= 0.10; ECsinMCC: Ala-Ala=0.36, Ala-Val=0.46, Val-Val=0.18; MCC: Ala-Ala= 0.35, Ala-Val= 0.30, Val-Val= 0.35; C: Ala-Ala=0.85, Ala-Val=0.15, Val-Val= 0.00 .

DISCUSIÓN: En la población estudiada se evidencia diferencia entre los grupos analizados del polimorfismo de superóxido dismutasa dependiente de Mn (SODMnAla⁹Val), no así en el de catalasa (CATC272T), lo que podría conducir a asociar estas alteraciones genéticas de SODMn como factor de riesgo en la patogenia de la MCC. Deberían realizarse nuevas investigaciones con mayor cantidad de pacientes para aclarar estos aspectos fisiopatológicos.

| FG (IC 95 %) | | CnoC | ECsinMCC | MCC | C |
|--------------|---------|-----------------------|-----------------------|--------------------------------------|-----------------------|
| CAT | CC | 0.68 (0.454-0.828) | 0.84 (0.618-1.04) | 0.70 (0.512-0.981) | 0.64 (0.383-0.777) |
| | CT | 0.32 (0.172-0.548) | 0.16 (0.000-0.382) | 0.30 (0.120-0.482) | 0.36 (0.223-0.517) |
| SOD | Ala-Ala | 0.54 (0.345-0.735) | 0.36 (0.089-0.631) | 0.35 (IC 0.14-0.56) | 0.85 (0.259-1.021) |
| | Ala-Val | 0.36 (0.146-0.514) | 0.46 (0.178-0.742) | 0.30 (IC 0.10-0.50) | 0.15 (0.087-0.383) |
| | Val-Val | 0.10 (0.000-0.262) | 0.18 (0.000-0.397) | 0.35 (IC 0.14-0.56) | 0.00 (0.00-0.00) |

