

**COORDENAÇÃO ACADÊMICA
NÚCLEO DE GESTÃO DE ATIVIDADES DE PESQUISA**

Projeto de Pesquisa Registrado – Informações Gerais

1. Coordenador (a): Fábio David Couto (fdcouto@ufrb.edu.br)

Vice- Coordenador (a):

2. Título do projeto: Prevalência de Polimorfismos Genéticos C677T, G1691A e G20210A nos genes da enzima metilenotetrahidrofolato redutase, Fator V de Leiden e protrombina associados ao risco aterotrombótico em pacientes com doença carotídea.

3. Código: 1363, processo 23007.002158/2016-25

4. Data de aprovação: 29/02/2016

5. Área de Conhecimento: CCAAB – Área 1: Ciências Biológicas

6. Resumo: Recentemente investigamos a relação entre a concentração plasmática de biomarcadores do metabolismo lipoproteico em população de 200 pacientes com doença carotídea (DCA) confirmada, atendidos em hospital federal militar, apresentando resultados importantes, considerando as diferenças entre gêneros, sendo as mulheres mais susceptíveis às alterações vasculares (grau de estenose nas carótidas) em idades entre 56 e 65 anos quando comparadas aos homens. Sabidamente, o tabagismo, hipertensão, obesidade, diabetes mellitus e dislipidemias são tradicionalmente considerados fatores e marcadores de risco para desenvolvimento da doença aterosclerótica. Além desses, nos últimos anos outros marcadores diretos e indiretos de risco (candidatos) vem sendo considerados. Dado aos achados, essa proposta tem o intuito de investigar e identificar novos fatores de riscos genéticos nesta população em acompanhamento. O DNA das amostras de sangue desses 200 pacientes, já coletadas e conservadas a 30 graus negativos, serão extraídos para avaliação dos polimorfismos genéticos C677T no gene da enzima MTHFR (metilenotetrahidrofolato redutase), G1691A no Fator V de Leiden e G20210A no gene da protrombina. A associação entre doença carotídea (DCA), dislipidemia e os polimorfismos genéticos serão investigadas usando um modelo de regressão logística. Após extração, o DNA será amplificado pela técnica de reação em cadeia da polimerase (PCR), e seguida de digestão enzimática por RFLP, o que permitirá distinguir os principais tipos de mutações



**COORDENAÇÃO ACADÊMICA
NÚCLEO DE GESTÃO DE ATIVIDADES
DE PESQUISA**

