



4014-6. ASOCIACIÓN ENTRE VARIANTES GENÉTICAS DE ENFERMEDAD CORONARIA Y ATROSCLOSIS SUBCLÍNICA: ESTUDIO DE ASOCIACIÓN Y META-ANÁLISIS

Michel Zabalza Cerdeiría¹, Isaac Subirana², Carla Lluís-Ganella², Sergi Sayols², Fernando Civeira³, Rafel Ramos⁴, Jaume Marrugat² y Roberto Elosua² del ¹Institut Municipal d'Investigació Mèdica (IMIM), Barcelona/Hospital Josep Trueta, Girona, ²Institut Municipal d'Investigació Mèdica (IMIM), Barcelona, ³Lipid Unit, Hospital Universitario Miguel Servet, Zaragoza y ⁴School of Medicine, Girona University, Girona.

Resumen

Introducción: Recientes estudios de asociación de genoma completo (genome-wide association studies GWAS) han identificado varios polimorfismos de nucleótido único (single nucleotide polymorphisms SNPs) asociados con la enfermedad coronaria. Algunas de estas variantes genéticas no se asocian con factores de riesgo cardiovascular clásicos y el mecanismo por el cual se producen estas asociaciones no ha sido identificado.

Objetivos: Determinar si estas variantes genéticas están relacionadas con la aterosclerosis subclínica y realizar una revisión actualizada y un metanálisis de los estudios previos que han analizado esta asociación.

Métodos: Estudio transversal anidado en el seguimiento de la cohorte REGICOR. Mediciones de aterosclerosis subclínica a través del grosor de la íntima media carotídea (GIMc), rigidez carotídea e índice tobillo-brazo (ITB) con métodos estandarizados. Se analizaron nueve variantes genéticas asociadas con enfermedad coronaria pero no con factores de riesgo cardiovascular clásico y se evaluó su asociación con la aterosclerosis subclínica de forma individual y a través de un score de riesgo genético. Se realizó una revisión sistemática y metanálisis.

Resultados: El estudio incluyó 2.667 individuos con información genética y al menos una medición aterosclerótica subclínica. Ni las variantes genéticas seleccionadas ni el score de riesgo genético se asociaron significativamente con GIMc, rigidez carotídea o ITB. En el metanálisis, el número de participantes osciló entre 6.676 (rs17465637, rs10455872) a 32.056 (rs1333049). El rs6725887 resultó inversamente asociado con el GIMc y el rs1746048 directamente asociado.

Conclusiones: Los mecanismos que explican la asociación entre las variantes genéticas relacionadas con la enfermedad coronaria pero no con los factores de riesgo cardiovascular clásicos, no parecen estar relacionados con la progresión de la aterosclerosis subclínica medida por GIMc, rigidez carotídea o ITB.