



6000-13. DIFERENCIAS EN EXPRESIÓN GÉNICA DE MARCADORES DE APOPTOSIS Y METABOLISMO EN AURÍCULAS DE PACIENTES DE CIRUGÍA CARDÍACA

Manuel Francisco Otero Santiago, Vanessa García Rúa, Sandra Feijóo Bandín, María Álvarez Barredo, José Manuel Martínez Comendador, José Rubio Álvarez, José Ramón González-Juanatey y Francisca Lago Paz del Complejo Hospitalario Universitario de Santiago de Compostela, A Coruña.

Resumen

Antecedentes: Tanto los marcadores tempranos de insuficiencia cardíaca como los cambios específicos en la expresión génica durante la progresión a insuficiencia cardíaca están poco caracterizados. En este estudio nuestra hipótesis de partida es que se producen alteraciones de expresión génica en la aurícula según patología, por ello, estudiamos la expresión de dos genes claves que previamente hemos visto alterados en ventrículos: el marcador de estrés del retículo endoplásmico (RE) pro-apoptotic-pathway-involving-CCAAT/enhancer-bindingprotein-homology protein (CHOP) y cardiac-fatty-acid-binding protein (HFABP).

Métodos: Determinamos los niveles relativos de expresión de los distintos genes, en aurícula derecha obtenida de pacientes sometidos a cirugía cardíaca, mediante RT-PCR para los siguientes grupos, definidos según un criterio clínico: insuficiencia cardíaca (HF, n = 19) vs no-HF (n = 54), cardiomiopatía isquémica (ICM, n = 38) vs no-ICM (n = 31), cardiomiopatía dilatada (DCM, n = 19) vs no-DCM (n = 43), fibrilación auricular (AF, n = 27) vs no-AF (n = 74), hipertrofia ventricular izquierda (LVH, n = 34) vs no-LVH (n = 20), cardiomiopatía valvular (VHD, n = 39) vs no-VHD (n = 30).

Resultados: En aurículas, la expresión de HFABP está aumentada en HF (vs no-HF; $p = 0,042$), mientras que la de CHOP está disminuida en AF (vs no-AF; $p = 0,027$) (test de Mann-Whitney). No se encontraron diferencias estadísticamente significativas en los niveles de expresión de ninguno de los genes entre los siguientes grupos: ICM vs no-ICM, DCM vs no-DCM, LVH vs no-LVH.

Conclusiones: En la aurícula derecha, se producen alteraciones en la expresión de genes claves en el estrés del retículo endoplásmico y del metabolismo de ácidos grasos específicos de patología.