



Asociación de los polimorfismos genéticos del gen *SEL-E* (E-selectina) con la enfermedad arterial coronaria prematura en la población mexicana.

Gabriel Herrera Maya¹, Giberto Vargas- Alarcón¹, Oscar Pérez-Méndez¹, Rosalinda Posadas Sánchez¹, Carlos Posadas Romero¹, Guillermo Cardoso Saldaña¹, Julian Ramírez Bello¹ y José Manuel Fragoso Lona¹

¹ Instituto Nacional de Cardiología "Ignacio Chávez". mayadermata@ciencias.unam.mx

La aterosclerosis es una enfermedad inflamatoria compleja, de larga duración y en constante evolución, con diversas manifestaciones clínicas, incluida la enfermedad arterial coronaria prematura (EACp). La patogenia de la EACp incluye procesos aterogénicos con disfunción endotelial e inflamación de la pared vascular, que involucra moléculas de adhesión, integrinas y quimiocinas. Este padecimiento progresivo y multifactorial es ocasionado por factores genéticos y ambientales, y se caracteriza por la acumulación de lípidos en las capas íntima y media arterial de la arteria coronaria. Además, las lipoproteínas de baja densidad (LDL) se acumulan en el endotelio vascular, lo que estimula el reclutamiento de macrófagos y linfocitos, mismos que dañan la matriz extracelular e inician un proceso inflamatorio que conlleva a la formación de la placa ateromatosa.

El objetivo de este estudio fue determinar si los polimorfismos de un solo nucleótido (SNP) del gen *SELE* (que codifica para la quimiocina E-selectina) se asocian con el riesgo de desarrollar EACp en población Mexicana. En este estudio se determinaron cuatro SNPs [G98T (rs1805193), A561C (rs5361), G1040A (rs5364) y C1880T (rs5355)] del gen *SEL-E* por medio de ensayos de genotipificación TaqMan en un grupo de 977 pacientes con EACp y 688 controles sanos. Los resultados mostraron que bajo diferentes modelos, el alelo T de G98T (RM = 1.75, IC 95%: 1.12-2.72, pCo-dom = 0.0006; RM = 1.90, IC 95%: 1.22-2.94, pDom = 0.004; O = 1.72, 95% CI: 1.10-2.68, pHet = 0.015, y OR = 1.99, 95% CI: 1.30-3.03, pAdd = 0.0012, respectivamente) y el alelo C del Ser128Arg A561C (RM = 1.74, 95% IC: 1.09-2.78, pCo-dom = 0.0041; RM = 1.87, 95% IC: 1.10-2.97, pDom = 0.007; RM = 1.72, 95% IC: 1.08-2.75, pHet = 0.022, y RM = 1.92, IC 95%: 1.23-2.99, pAdd = 0.0032), respectivamente se asociaron con un mayor riesgo a desarrollar EACp. Así mismo, bajo un modelo co-dominante, el genotipo CT de Leu575Phe C1880T polimorfismo se asoció con un mayor riesgo a desarrollar EACp en comparación con el genotipo CC (RM = 2.01, IC 95%: 1.23-3.30, pCo-dom = 0.0045). Todos los modelos fueron ajustados por factores de riesgo cardiovascular comunes en esta enfermedad.

En conclusión, nuestros hallazgos demuestran que los polimorfismos rs1805193, rs5361 y rs5355 se asocian con un mayor riesgo de desarrollar EACp.