

**P 3392****Associação entre o nível global de metilação do DNA e o escore de Framingham de risco cardiovascular em mulheres na menopausa**

Vitor Costa Fabris, Maria Augusta Maturana, Ramon Bossardi Ramos, Poli Mara Spritzer  
Hospital de Clínicas de Porto Alegre (HCPA)

**Introdução:** Mecanismos epigenéticos, como a metilação do DNA, influenciam a regulação da estrutura do DNA, a expressão gênica e o fenótipo de um indivíduo. Os níveis globais de metilação do DNA mudam com o envelhecimento, e já foram associados a patologias como aterosclerose, câncer e hipertensão. Sabe-se que a menopausa está associada com aumento do risco cardiovascular, que pode ser estimado por meio do Escore de Framingham de risco cardiovascular (FRS). **Objetivos:** Avaliar a associação entre o nível de metilação global do DNA e o Escore de Framingham de risco cardiovascular em pacientes menopáusicas. **Métodos:** Participaram deste estudo transversal 90 mulheres em menopausa, com idade entre 45 e 65 anos e sem uso de terapia hormonal por pelo menos 3 meses antes do arrolamento. Foram excluídas pacientes fumantes, com diabetes e/ou com diagnóstico prévio de doença cardiovascular. O FRS foi estimado por meio da calculadora disponível no website do estudo de Framingham. O nível de metilação global do DNA foi avaliado por ELISA. Para a análise estatística, as pacientes foram estratificadas em dois grupos – um com FRS <10% (n=69), outro com FRS ≥10% (n=21). Teste T para amostras independentes foi utilizado para compará-los. **Resultados:** A média de idade entre as participantes foi de 55,5 ± 4,9 anos. A idade no grupo de risco ≥10% foi maior quando comparada ao de risco <10% (59,1 ± 4,6 vs. 54,4 ± 4,4 anos, p <0,001). O tempo de menopausa diferiu entre os dois grupos [5 (3 a 9) vs. 10 (4 a 12), p=0,01]. As pacientes apresentaram sobrepeso com IMC médio de 27,2 ± 4,6 kg/m<sup>2</sup>, sem diferença entre os grupos. As participantes com FRS ≥10% apresentaram hipometilação quando comparadas àquelas com um FRS <10% [23,9 (20,6 – 29,1) vs. 28,8 (24,3 – 39,6), p=0,02 com ajuste para tempo de menopausa]. **Conclusões:** Pacientes menopáusicas com FRS de médio ou alto risco cardiovascular apresentam menores níveis globais de metilação do DNA quando comparadas a pacientes com FRS de baixo risco, sugerindo menor capacidade para suprimir a expressão de genes relacionados com risco cardiovascular. Projeto aprovado pelo CEP HCPA. Apoio: INCT de Hormônios e Saúde da Mulher. **Palavras-chaves:** Endocrinologia, menopausa, epigenética. Projeto GPPG 10-0317