

P157

POLIMORFISMO P12A DI *PPARy2* E MORTALITA' PER TUTTE LE CAUSE IN PAZIENTI CON DIABETE MELLITO DI TIPO 2.

Pacilli A.¹, Prudente S.², Copetti M.³, Fontana A.³, Bacci S.¹, Marucci A.⁴, Lamacchia O.⁵, Cignarelli M.⁵, De Cosmo S.¹, Trischitta V.^{2,4,6}

¹ Dipartimento di Scienze Mediche, IRCCS Casa Sollievo della Sofferenza, S. Giovanni R. (FG); ² Istituto CSS Mendel, Roma; ³ Unità di Biostatistica, IRCCS Casa Sollievo della Sofferenza, S. Giovanni R. (FG); ⁵ Dipartimento di Scienze Mediche e Chirurgiche, Università degli Studi di Foggia; ⁶ Dipartimento di Medicina Sperimentale, Università Sapienza di Roma.

Premessa: i pazienti con diabete mellito di tipo 2 (DT2) hanno un aumentato rischio di mortalità. Oltre a fattori ambientali è possibile che anche la componente genetica svolga un ruolo. Tra i potenziali geni potrebbero essere coinvolti quelli che associano allo sviluppo del DT2.

Scopo del lavoro: indagare il ruolo dell'allele Ala12 del polimorfismo P12A di *PPARy2* (rs1801282), che protegge dallo sviluppo del DT2, sul rischio di morte per tutte le cause in pazienti con DT2.

Descrizione Sintetica della Casistica e dei Metodi: abbiamo reclutato tre coorti di pazienti con DT2 che sono stati seguiti longitudinalmente, il "Gargano Mortality Study" (GMS), il "Gargano Health Study" (GHS) e il "Foggia Mortality Study" (FMS); i pazienti di cui era disponibile lo stato vitale al follow-up e il genotipo relativo al polimorfismo P12A di *PPARy2* erano rispettivamente 670, 278 e 594.

Risultati: nel GMS (follow-up mediano di 8.2 anni), nel GHS (follow-up mediano di 5.9 anni) e nel FMS (follow-up mediano di 6.6 anni) si sono registrati rispettivamente 119,64 e 152 decessi, con un tasso di incidenza annuale aggiustato per sesso ed età di 1.7, 3.8 e 2.5 per 100 anni-persona, rispettivamente. In nessuna delle tre casistiche il polimorfismo studiato era associato in modo statisticamente significativo alla mortalità per tutte le cause (HR=0.75, 95%CI: 0.47-1.20, p=0.23; HR=1.07, 95%CI: 0.58-1.98, p=0.83; HR=0.94, 95%CI: 0.62-1.43, p=0.78; per ogni allele a rischio rispettivamente nelle coorti GMS, GHS e FMS). Considerata l'assenza di eterogeneità (p di interazione fra coorte e polimorfismo P12A sulla mortalità=0.63), le tre coorti sono state analizzate insieme, per un totale di 1542 pazienti. I dati confermano l'assenza di associazione statisticamente significativa fra il polimorfismo P12A e la mortalità per tutte le cause (HR=0.87, 95%CI: 0.66-1.15, p=0.33).

Conclusioni: l'allele Ala12 del polimorfismo P12A di *PPARy2* non è associato alla mortalità per tutte le cause in pazienti con DT2.

