

A análise estatística dos dados apresentados na tabela 10 mostrou que apesar das variações nas freqüências genótípicas de polimorfismos no gene da ApoE entre pacientes e controles, não foi observado diferença significativa entre estes genótipos e as freqüências alélicas.

Na tabela 11 estão apresentados os resultados referentes à pesquisa do polimorfismo 4G/5G na região promotora do gene do PAI-1 entre os pacientes com AVC e indivíduos do grupo-controle.

Tabela 11 - Freqüência do polimorfismo 4G/5G na região promotora do gene do PAI-1 entre os pacientes com AVC e indivíduos do grupo-controle

Polimorfismo	4G4G	4G5G	5G5G	4G	5G
Controle (n = 201)	93 (46,3%)	65 (32,3 %)	43 (21,4%)	0,62	0,38
AVC (n = 48)	17 (35,4%)	15 (31,3%)	16 (33,3 %)	0,51	0,49
Odds Ratio	0,64	0,95	1,84	0,63	1,59
Intervalo de confiança 95%	0,31 – 1,28	0,46 – 1,97	0,87 – 3,85	0,39 – 1,01	0,99 – 2,56
Valor de p	0,23	0,98	0,11	0,05	0,05

AVC – acidente vascular cerebral

Ao avaliar a distribuição do polimorfismo 4G/5G entre os diferentes sítios de ocorrência do evento, dentre os pacientes com AVC, o genótipo 4G4G foi detectado em 17 (35,4%), enquanto os genótipos 4G5G e 5G5G foram detectados em 15 (31,3%) e 16 (33,3%) indivíduos, respectivamente. Nenhuma diferença significativa foi observada em relação ao genótipo e local de ocorrência do evento trombótico.

Na tabela 12 estão apresentados os resultados referentes à pesquisa do polimorfismo G844A na região promotora do gene do PAI-1 e suas freqüências, entre os pacientes com AVC e indivíduos do grupo-controle. Nenhuma diferença estatística foi observada ao comparar estes grupos.

Tabela 12 - Frequência do polimorfismo G844A na região promotora do gene do PAI-1 entre os pacientes com AVC e indivíduos do grupo-controle

Polimorfismo	Frequência dos genótipos			Frequência alélica	
	Não detectado (GG)	Heterozigoto (GA)	Homozigoto (AA)	G	A
G844A					
Controle (n =201)	52 (26,0%)	106 (52,7%)	43 (21,3%)	0,52	0,48
AVC (n = 48)	16 (33,3%)	26 (54,2%)	6 (12,5%)	0,59	0,41
Odds Ratio		1,06	0,52	1,40	0,72
Intervalo de confiança 95%		0,54 – 2,09	0,19 – 1,40	0,87 – 2,25	0,44 – 1,15
Valor de p		0,99	0,23	0,18	0,18

AVC – acidente vascular cerebral

Nas tabelas 13 e 14 estão apresentados os resultados, com suas respectivas frequências, referentes à pesquisa molecular do fator V Leiden (G1691A), mutação no gene da MTHFR (C677T) entre os pacientes com DAP.

Tabela 13 - Frequência da mutação no gene da MTHFR - (C677T) em pacientes com DAP.

Mutação	Frequência dos genótipos			Frequência alélica	
	Não detectado (CC)	Heterozigoto (CT)	Homozigoto (TT)	C	T
MTHFR - C677T					
Controle (n =201)	95 (47,3%)	85 (42,3%)	21 (10,4%)	0,68	0,32
DAP (n = 49)	32 (65,3%)	14 (28,6%)	3 (6,1%)	0,80	0,20
Odds Ratio		0,55	0,56	1,79	0,56
Intervalo de confiança 95%		0,26 – 1,13	0,13 – 2,10	1,02 – 3,16	0,32 – 0,58
Valor de p		0,11	0,43	0,04	0,04

MTHFR – Metilenotetrahidrofolato redutase

Tabela 14 - Frequência do fator V Leiden (G1691A) em pacientes com DAP.

Mutação	Frequência dos genótipos		Frequência alélica	
	Não detectado (GG)	Heterozigoto (GA)	G	A
FVL – G1691A				
Controle (n =201)	199 (99,0%)	2 (1,0%)	0,99	0,01
DAP (n = 49)	48 (98,0%)	1 (2,0%)	0,99	0,01
Odds Ratio		2,07	0,49	2,06
Intervalo de confiança 95%		inválido	0,03 – 13,65	inválido
Valor de p		0,48	0,48	0,48

FVL – Fator V Leiden

Dentre os pacientes com DAP, 14 (28,6%) apresentaram a mutação C677T em heterozigose, enquanto 3 (6,1%) em homozigose. No entanto, não foram observadas diferenças significativas quando estes foram comparados ao grupo-controle, seja em relação à frequência genotípica ou frequência alélica. Para o FVL, apesar de não ser observado diferença estatística para o valor de p, devido a uma frequência maior de heterozigotos, foi observado um valor de odds ratio de 2,07. Neste grupo de pacientes não foi observada a presença da mutação G20210A no gene da protrombina, seja em heterozigose ou homozigose.

Na tabela 15 estão apresentadas as frequências referentes aos polimorfismos no gene da ApoE entre os pacientes com DAP e indivíduos do grupo-controle.

