

INTISARI

VARIASI GEN *LIPOPROTEIN LIPASE* (LPL) PADA SINDROM METABOLIK ETNIS JAWA DI YOGYAKARTA

Latar Belakang. Sindrom Metabolik adalah kelainan metabolisme yang umum dan dapat menyebabkan peningkatan risiko diabetes mellitus tipe 2, penyakit kardiovaskuler, dll. Sindrom metabolik disebabkan faktor lingkungan dan faktor genetik. *Lipoprotein Lipase* (LPL) adalah salah satu gen yang terlibat dalam metabolisme lipid serum sebagai kriteria untuk Sindrom metabolik. Variasi gen yang paling umum adalah LPL +495 T> G dan LPL Pvu II C> T yang dapat mempengaruhi peningkatan kadar trigliserida dan penurunan HDL.

Tujuan. Untuk mengidentifikasi peran variasi gen LPL +495 T> G dan LPL PvuII pada sindrom metabolik dalam etnis Jawa di Yogyakarta.

Metode. Total 160 subjek penelitian etnis Jawa yang terdiri dari 80 subjek sindrom metabolik dan 80 subjek kontrol. Diagnosis Sindrom metabolik berdasarkan kriteria NCEP ATP III. Sampel darah tepi dikumpulkan setelah puasa minimal 8 jam untuk menentukan pengukuran metabolit. Metode PCR-RFLPs digunakan untuk mendeteksi LPL +495 T> G dan variasi gen LPL PvuII dari gen LPL.

Hasil. Distribusi frekuensi genotipe dan alel untuk LPL +495 T> G tidak berbeda secara signifikan antara MetS dan kontrol dengan dan tanpa stratifikasi usia. Pada variasi gen LPL +495 T>G, genotipe TT lebih tinggi pada kelompok sindrom metabolik dibandingkan dengan genotip TG dan GG. Distribusi frekuensi genotipe dan alel untuk LPL +495 T> G pada kadar HDL ditemukan Genotip TG pada variasi gen LPL +495 T> G adalah genotip protektif dibandingkan dengan genotip TT. Distribusi frekuensi genotipe dan alel untuk LPL PvuII C> T tidak berbeda secara signifikan antara Met-S dan kontrol. Dalam LPL PvuII C> T berdasarkan stratifikasi umur, ditemukan bahwa genotip TC+CC dapat meningkatkan risiko Met-S dibandingkan dengan genotipe TT. Distribusi frekuensi genotipe dan alel untuk LPL PvuII C> T pada kadar trigliserida ditemukan genotip TC + CC adalah genotip protektif terhadap trigliserida pada subjek usia ≤ 45 tahun.

Kesimpulan. Genotip TG pada variasi gen LPL +495 T> G adalah genotip protektif terhadap HDL rendah dibandingkan dengan genotip TT. Pada variasi gen LPL Pvu II C>T, genotipe TC + CC adalah genotipe risiko sindrom metabolik pada kelompok usia > 45 tahun dan TC + CC adalah genotip protektif terhadap trigliserida pada subjek usia ≤ 45 tahun.

Kata kunci : Lipoprotein Lipase, Sindrom Metabolik, Variasi gen LPL +495 T>G, Variasi gen LPL Pvu II C>T.

ABSTRACT

VARIATION OF LIPOPROTEIN LIPASE (LPL) AT METABOLIC SYNDROME OF JAWA ETHNIC IN YOGYAKARTA

Background. Metabolic Syndrome is a common metabolic disorder and can cause an increased risk of type 2 diabetes mellitus, cardiovascular disease, etc. Metabolic syndrome is caused by environmental factors and genetic factors. Lipoprotein Lipase (LPL) is one of the genes involved in serum lipid metabolism as a criteria for metabolic syndrome. The most common gene variations are LPL +495 T> G and LPL Pvu II C> T which can affect the increase in triglyceride levels and decrease in HDL.

Aim. To identify the role of variation of LPL +495 T> G and LPL PvuII genes in the metabolic syndrome in Javanese ethnic groups in Yogyakarta.

Method. A total of 160 ethnic Javanese research subjects consisted of 80 metabolic syndrome subjects and 80 control subjects. Diagnosis of metabolic syndrome based on the NCEP ATP III criteria. Blood samples are collected after fasting for at least 8 hours to determine the measurement of metabolites. The PCR-RFLPs method is used to detect LPL +495 T> G and variation of the Pvu II LPL gene from the LPL gene.

Results. Genotype and allele frequency distribution for LPL +495 T> G not significantly different with and without age stratification in MetS and controls groups. In the LPL +495 T> G gene variation, the TT genotype was higher in the metabolic syndrome group compared to TG and GG genotypes. Genotype and allele frequency distribution for LPL +495 T> G at HDL levels found that TG genotype in the LPL +495 T> G gene variation is a protective genotype compared to the TT genotype. Genotype and allele frequency distribution for LPL PvuII C> T not significantly different between Met-S and controls. In LPL PvuII C> T based on age stratification, it was found that TC + CC genotypes could increase the risk of Met-S compared to TT genotypes. Genotype and allele frequency distribution for LPL PvuII C> T on triglyceride levels found that TC + CC genotypes were protective genotypes against triglycerides in subjects aged ≤ 45 years.

Conclusion. The genotype of TG in LPL +495 T> G gene is a protective genotype of low HDL compared to TT genotype. In LPL Pvu II C> T genes, TC + CC genotype is a risk genotype of metabolic syndrome in the age group > 45 years and TC + CC is a protective genotype of triglycerides in subjects aged ≤ 45 years.

Keywords: Lipoprotein Lipase, Metabolic Syndrome, LPL gene variation +495 T> G, LPL gene variation Pvu II C> T.