

Choroby układu krążenia są główną przyczyną umieralności i chorobowości w społeczeństwach krajów wysoko rozwiniętych. Klasyczne czynniki ryzyka chorób sercowo-naczyniowych takie jak nadciśnienie tętnicze, cukrzyca, otyłość czy zaburzenia gospodarki lipidowej identyfikują część pacjentów zagrożonych wystąpieniem zawału mięśnia sercowego. W grupie pacjentów młodszych, tj. poniżej 55-60 roku życia większą rolę odgrywają jednak czynniki genetyczne zwiększające ryzyko wystąpienia chorób sercowo-naczyniowych. Jednym ze sposobów oceny takiego ryzyka genetycznego jest wykrycie wariantów genetycznych o których wiemy, że wiążą się z wystąpieniem zawału mięśnia sercowego czy innych chorób o podłożu miażdżycowym. Obecnie zidentyfikowano wiele takich wariantów, każdy z nich o częstości występowania w populacji powyżej 5%, które, gdy występują wspólnie to istotnie podwyższają ryzyko incydentu sercowo-naczyniowego. Obecne badania w populacji europejskiej wskazują, że już oznaczenie 27 takich wariantów (tak zwany PRS – czyli „polygenic risk score”) może istotnie przyczynić się do poprawy oszacowania ryzyka sercowo-naczyniowego względem oceny opartej tylko o klasyczne czynniki ryzyka. Celem pracy jest ocena skuteczności szacowania ryzyka sercowo-naczyniowego na podstawie PRS w populacji reprezentatywnej dla pacjentów podstawowej opieki zdrowotnej w okresie 8 letniej obserwacji. Ponadto chcemy ocenić, czy istnieje związek między oceną ryzyka genetycznego a skutecznością terapii hypolipemizującej, co może posłużyć za podstawę do zaprojektowania badań z zakresu farmakoterapii.