



ASOCIACIÓN ENTRE LA PROTEÍNA C REACTIVA Y EL SÍNDROME METABÓLICO EN LA POBLACIÓN PERUANA DEL ESTUDIO PERU MIGRANT

ASSOCIATION BETWEEN C-REACTIVE PROTEIN AND METABOLIC SYNDROME IN THE PERUVIAN POPULATION OF THE PERU MIGRANT STUDY

Víctor Juan Vera-Ponce¹, Liliana Cruz-Ausejo¹, Jenny Raquel Torres-Malca²

RESUMEN

Introducción: El síndrome metabólico (MetS) es un grupo de factores de riesgo cardiovascular que se caracteriza por la presencia de inflamación crónica de bajo grado. Entre todos los biomarcadores inflamatorios asociados al MetS, el mejor caracterizado y bien estandarizado es la proteína C-Reactiva (PCR). **Objetivo:** Evaluar la asociación entre la proteína C-Reactiva y el síndrome metabólico en la población peruana del estudio PERU MIGRANT. **Métodos:** Estudio transversal analítico. Análisis de base de datos secundario del estudio PERU MIGRANT. Se consideró MetS según los criterios de Harmonizing the Metabolic Syndrome. Para la PCR, se dispuso un punto de corte ≥ 3 mg/L. Se usó modelos lineales generalizados de familia de Poisson para hallar la razón de prevalencias cruda y ajustada. **Resultados:** Se trabajó con un total de 958 sujetos. La prevalencia de MetS fue de 24,53%. En el análisis de regresión simple, se encontró que las personas con niveles altos de PCR tenían 75% mayor frecuencia de tener MetS, en comparación a quienes no presentaban niveles altos de PCR (RP=2,21, IC95%: 1,40 – 2,18). En la regresión múltiple, se observó que los pacientes con niveles altos de PCR tenían 31% mayor frecuencia de tener MetS, respecto a quienes presentaban niveles normales de PCR; ajustando por el resto de covariables (RP=1,31, IC95%: 1,05 – 1,62). **Conclusiones:** La PCR plasmática se asoció positivamente con MetS. Ello sugiere que un proceso inflamatorio de bajo grado puede estar relacionado con la presencia de MetS.

Palabras clave: Síndrome metabólico; Proteína C-Reactiva; Mediadores de Inflamación (fuente: DeCS BIREME).

ABSTRACT

Introduction: Metabolic syndrome (MetS) is a group of cardiovascular risk factors characterized by the presence of low-grade chronic inflammation. Among all the inflammatory biomarkers associated with MetS, the best characterized and well standardized is C-Reactive protein (CRP). **Objectives:** To evaluate the association between C-Reactive protein and metabolic syndrome in the Peruvian population of the PERU MIGRANT study. **Methods:** Secondary database analysis of the PERU MIGRANT study. MetS was considered according to the Harmonizing the Metabolic Syndrome criteria. For CRP, a cutoff point of ≥ 3 mg/L was established. **Results:** We worked with a total of 958 subjects. The prevalence of MetS was 24.53%. In the simple regression analysis, it was found that people with high CRP levels had a 75% higher frequency of having MetS, compared to those who did not present high CRP levels (PR = 2.21, 95% CI: 1.40 - 2.18). In multiple regression, it was observed that patients with high CRP levels had a 31% greater frequency of having MetS, compared to those with normal CRP levels; adjusting for the rest of the covariates (PR = 1.31, 95% CI: 1.05 - 1.62). **Conclusions:** Plasma CRP was positively associated with MetS. This suggests that a low-grade inflammatory process may be related to the presence of MetS. Against this, physicians should pay attention to glucose, lipid profile, and central obesity in patients with elevated plasma CRP levels.

Key words: Metabolic Syndrome; C-Reactive Protein; Inflammation Mediators (source: MeSH NLM).

¹ Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Científica del Sur, Lima-Perú.

² Universidad Tecnológica del Perú, Lima-Perú.

Citar como: Víctor Juan Vera-Ponce, Liliana Cruz-Ausejo, Jenny Raquel Torres-Malca. Asociación entre la proteína C reactiva y el síndrome metabólico en la población peruana del estudio PERU MIGRANT. Rev. Fac. Med. Hum. Enero 2021; 21(1):118-123. DOI 10.25176/RFMH.v21i1.3320

Journal home page: <http://revistas.urp.edu.pe/index.php/RFMH>

Artículo publicado por la Revista de la Facultad de Medicina Humana de la Universidad Ricardo Palma. Es un artículo de acceso abierto, distribuido bajo los términos de la Licencia Creative Commons: Creative Commons Attribution 4.0 International, CC BY 4.0 (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>), que permite el uso no comercial, distribución y reproducción en cualquier medio, siempre que la obra original sea debidamente citada. Para uso comercial, por favor póngase en contacto con revista.medicina@urp.pe





INTRODUCCIÓN

El síndrome metabólico (MetS) es un grupo de factores de riesgo cardiovascular caracterizado por presentar obesidad abdominal, hipertensión y dislipidemia⁽¹⁾. La prevalencia del síndrome metabólico se ha incrementado en todo el mundo y se ha convertido en un problema de salud pública importante en los últimos años⁽²⁾. Casi la mitad de los adultos estadounidenses tienen MetS, y la prevalencia aumenta con la edad⁽³⁾. En caso de la población peruana, según el criterio utilizado, la prevalencia fluctúa entre 25 a 45%⁽⁴⁾.

Aunque los componentes individuales de MetS contribuyen de forma independiente a un mayor desarrollo de enfermedades cardiovasculares (ECV) y diabetes mellitus tipo 2 (DM2); en conjunto, el riesgo se incrementa exponencialmente^(5,6). Los mecanismos precisos para esta mayor propensión recaen en la presencia de inflamación crónica de bajo grado^(7,8). Entre todos los biomarcadores inflamatorios asociados para evaluar su valor en la predicción de ECV, el mejor caracterizado y bien estandarizado es la proteína C-Reactiva (PCR).

La PCR es un reactante de fase aguda producido por los hepatocitos y su producción está regulada por la interleucina-6 y otras citocinas inflamatorias (9,10). Clásicamente, la PCR plasmática se utiliza como prueba de detección y actividad de enfermedades inflamatorias, como las enfermedades reumatológicas⁽¹¹⁾. Sin embargo, también se ha demostrado que los niveles de PCR en el plasma reflejan el curso de ciertas enfermedades crónicas, entre ellas el MetS⁽¹²⁻¹⁴⁾. Dada estas observaciones encontradas, algunos investigadores han sugerido que la PCR debe agregarse como un criterio clínico para MetS.

Si bien varios países han estudiado la relación entre la PCR plasmática y el síndrome metabólico, este no se ha investigado a fondo en la población peruana. Por eso mismo, el presente estudio tiene como objetivo evaluar la asociación de la proteína C-Reactiva en el síndrome metabólico en la población peruana del estudio PERU MIGRANT.

MÉTODOS

Diseño y área de estudio

El presente estudio tuvo un diseño observacional analítico transversal. Fue un análisis de base de datos secundario del estudio PERU MIGRANT, un trabajo de investigación que fue diseñado para evaluar la

magnitud de las diferencias entre los grupos rurales, migrantes rurales a urbanos y urbanos en relación a los factores de riesgo cardiovascular específicos⁽¹⁵⁾.

Población y muestra

El estudio PERU MIGRANT (estudio primario) consideró dos entornos diferentes. El primero fue San José de Secce, una aldea ubicada en Ayacucho, que fue seleccionada como el sitio de estudio rural. El segundo fue el área "Las Pampas de San Juan de Miraflores" en Lima, seleccionada como el área urbana para el estudio. Los grupos de estudio se definieron mediante un muestreo aleatorio único de participantes de 30 años o más del sitio rural de Ayacucho, el sitio urbano de Lima, y los migrantes del campo a la ciudad de Ayacucho que ahora residen en Lima.

Ayacucho fue escogido para este estudio debido a que fue una de las áreas más afectadas durante el período de conflicto en Perú, tanto así que el 50% de las muertes ocurrieron en este lugar. Para el período 1988-1993, el 50,7% del total de emigrantes de Ayacucho se trasladó a Lima, convirtiendo a Ayacucho en la principal fuente de emigrantes a Lima.

Información adicional sobre los criterios de selección, el tamaño de la muestra y las tasas de participación se ha publicado en otra parte⁽¹⁵⁾.

Del total de participantes reclutados en el estudio primario, fueron evaluados 989 personas. En el presente estudio se incluyó a todos los sujetos con las variables de interés, y se excluyó a todos los sujetos con diagnóstico de DM2. Finalmente, se contó con un total de 958 sujetos.

Con un tamaño de muestra de 958 sujetos, con una proporción esperada de sujetos con MetS y PCR alto de 44.5%; y una proporción esperada de sujetos con MetS sin PCR alto de 55.5; y con un nivel de confianza del 95%, se calculó una potencia estadística del 92.6%.

Variables e instrumentos

La variable dependiente fue el diagnóstico del MetS. Se consideró MetS según los criterios de Harmonizing the Metabolic Syndrome⁽¹⁶⁾, al presentar tres o más de las siguientes alteraciones: Circunferencia de la cintura ≥ 80 cm para mujeres o ≥ 94 cm para hombres; triglicéridos ≥ 150 mg/dl; glucosa en ayunas ≥ 100 mg/dl (o si reciben tratamiento para disminuir los niveles de glucosa); presión arterial sistólica ≥ 130 mmHg o presión arterial diastólica \geq

85 mmHg (o reciben tratamiento para disminuir los niveles de presión arterial); HDL-colesterol < 50 mg/dl en mujeres o < 40 mg/dl en varones.

Nuestra principal variable de exposición fue los niveles de PCR ultrasensible plasmático. En este estudio, se dispuso un punto de corte donde se consideraba PCR alto ≥ 3 mg/L. La Asociación Estadounidense del Corazón y el Centro para el Control de Enfermedades reconocieron que las personas con PCR arriba de ese valor son un grupo de alto riesgo de ECV⁽¹⁷⁻¹⁹⁾.

Las otras variables del análisis fueron edad, sexo (masculino o femenino), grupo según migración (urbano, rural o migrante), estado de fumador, bebedor de alcohol y actividad física. El consumo excesivo de alcohol fue definido si consumía baja o alta cantidad de alcohol. El tabaquismo fue definido en tres categorías: si no ha fumado (nunca), ha dejado de fumar hace 6 meses (antiguo) o si ha fuma en los últimos 6 meses (actual). Los niveles de actividad física fueron definidos de acuerdo con el protocolo del Cuestionario Internacional de Actividad Física (IPAQ); así, los niveles físicos categóricos se codificaron con base en el número total de días de actividad física y el equivalente metabólico en minutos/semana en tres categorías: alto, medio y bajo.

Para la toma de todas las variables del estudio primario, se capacitó a un equipo de trabajadores de salud comunitarios con experiencia previa en trabajo de campo en visitas domiciliarias para inscribir a los participantes y realizar los cuestionarios. Todas las evaluaciones de laboratorio fueron realizadas por un personal capacitado en muestras venosas tomadas por la mañana después de un mínimo de 8 horas de ayuno.

Procedimientos

La base de datos del estudio primario es de acceso libre, sin restricciones. Los investigadores accedieron a la información científica, se tomaron las variables que eran de interés para el estudio y se realizó el presente manuscrito.

Análisis estadístico

Se realizó el análisis estadístico con el software STATA v16.0. Para el análisis descriptivo, las variables cualitativas se resumieron en proporciones; mientras que las variables cuantitativas se presentaron en forma de la media y la desviación estándar. Para el análisis bivariado, para las variables categóricas se realizó la prueba de chi-cuadrado, y para las variables numéricas se eligió la prueba T de Student y Wilcoxon, según la distribución de normalidad de las variables.

Posteriormente, se hizo un modelo lineal generalizado de la familia de Poisson (crudo y ajustado) con varianza robusta. Las variables incluidas en el modelo ajustado fueron edad, sexo, grupo (urbano, rural o migrante), estado de fumador, bebedor de alcohol y actividad física. La medida de asociación fue la razón de prevalencia (PR) con su respectivo intervalo de confianza (IC) del 95%.

Consideraciones éticas

La aprobación ética para el estudio primario se obtuvo de los comités de ética de la Universidad Peruana Cayetano Heredia en el Perú, y la Escuela de Higiene y Medicina Tropical de Londres en el Reino Unido. El propósito del estudio se explicó a cada uno de los participantes del estudio y se obtuvo el consentimiento informado, siguiendo los estándares internacionales para la investigación ética en los países en desarrollo.

El presente es un análisis secundario de datos, por lo que no se tuvo contacto alguno con sujetos humanos. En tal sentido, los posibles riesgos para los sujetos del análisis son mínimos.

A su vez, vale la pena aclarar que la base de datos es de acceso libre al público en general.

Finalmente, durante la implementación del estudio se respetaron los principios éticos delineados en la Declaración de Helsinki.

RESULTADOS

De 958 participantes seleccionados para esta investigación, la prevalencia de MetS fue de 24,53%. Se encontró que la mayoría era de sexo femenino (52,92%) y pertenecían al grupo migrante (59,71%). La media de edad fue de 47,83 años. Casi la mitad practicaba actividad física alta (44,84%). El 11,17% era fumador actual y el 7,31% reportó consumos altos de alcohol. La cuarta parte (25,47%) presentó niveles altos de PCR.

Los pacientes con niveles altos de PCR tenían 15,48% mayor frecuencia de ser síndrome metabólico, en comparación con quienes tuvieron niveles de PCR normal (56,60% vs 25,59%; $p < 0,001$). Se encontró que las mujeres tenían 18,28% mayor frecuencia de tener MetS, respecto a los varones (33,14% vs 14,86%; $p < 0,001$). Finalmente, la edad estuvo significativamente asociado a tener MetS ($p = 0,005$). Solo el estado de fumador no mostró diferencias estadísticas proporcionales en relación a presentar MetS. Tabla 1.



Tabla 1. Características de importancia de la población peruana del estudio PERU MIGRANT en base al síndrome metabólico.

Características	Síndrome Metabólico			p*	
	Total n (%)	No (n=723) n (%)	Si (n=235) n (%)		
Sexo				< 0,001	
	Femenino	507 (52,92)	339 (66,86)	168 (33,14)	
	Masculino	451 (47,08)	384 (85,14)	67 (14,86)	
Edad (años)*		47,83 (± 12,05)	47.20 (± 12,58)	49.76 (± 10,02)	0,005¥
Grupo				< 0,001	
	Rural	197 (20,56)	179 (90,86)	18 (9,14)	
	Migrante	572 (59,71)	421 (73,60)	151 (26,40)	
	Urbano	189 (19,73)	123 (75,47)	66 (34,92)	
Actividad Física					
	Bajo	246 (25,89)	176 (71,54)	70 (28,46)	0,002
	Moderado	278 (29,26)	195 (70,14)	83 (29,86)	
	Alto	426 (44,84)	344 (80,75)	82 (19,25)	
Estado de Fumador				0,265	
	Nunca	789 (82,36)	594 (75,29)	195 (24,71)	
	Antiguo	62 (6,47)	43 (69,35)	19 (30,65)	
	Actual	107 (11,17)	86 (80,37)	21 (19,63)	
Consumo de alcohol				< 0,001	
	Bajo	888 (92,36)	662 (74,55)	226 (24,45)	
	Alto	70 (7,31)	61 (87,14)	9 (12,86)	
PCR alto				< 0,001	
	No	714 (74,53)	567 (79,41)	147 (20,59)	
	Si	244 (25,47)	156 (63,93)	88 (36,07)	

* Obtenido con la prueba de Chi cuadrado

* Media ± desviación estándar.

¥ Realizado con la prueba T de Student

En el análisis de regresión simple, se encontró que las personas con niveles altos de PCR tenían 75% mayor frecuencia de tener MetS, en comparación a quienes no presentaban niveles altos de PCR (RP=2,21, IC95%: 1,40 – 2,18). Luego, en la regresión múltiple se conservó la asociación observada en términos de dirección y magnitud. Se observó que los pacientes

con niveles altos de PCR tenían 31% mayor frecuencia de tener MetS, respecto a quienes presentaban niveles normales de PCR; ajustando por las covariables confusoras de sexo, edad, grupo, estado de fumador, bebedor de alcohol y actividad física (RP=1,31, IC95%: 1,05 – 1,62). Tabla 2.

Tabla 2. Modelo de regresión de Poisson crudo y ajustado para evaluar la asociación entre el fibrinógeno plasmático y el síndrome metabólico.

Características	Análisis Crudo			Análisis Ajustado*		
	RP	IC 95%	p	RP	IC 95%	p
PCR alto						
No	Ref			Ref		
Si	1,75	1,40 – 2,18	< 0,001	1,31	1,05 – 1,62	0,015

*Ajustado por edad, sexo, grupo (urbano, rural o migrante), estado de fumador, bebedor de alcohol y actividad física

DISCUSIÓN

Dado las implicancias del MetS a largo plazo sobre las alteraciones cardiovasculares, y el posible rol que jugaría el estado proinflamatorio en ese proceso, el presente trabajo tuvo el objetivo de evaluar la asociación entre la PCR y el MetS. Luego de realizar el análisis ajustado por las covariables más importantes, encontramos una estrecha relación entre ambas variables de interés.

Nuestros resultados indican que las concentraciones elevadas de PCR se asocian con una mayor prevalencia de MetS. Este resultado se apoya de varios estudios epidemiológicos. La asociación entre MetS y niveles elevados de PCR se ha demostrado en cubanoamericanos no diabéticos de edad ≥ 30 años⁽²⁰⁾. Un estudio de 5728 sujetos mostró que los sujetos con tres, cuatro o cinco características del MetS, tenían más probabilidades de aumentar la PCR en comparación con a sujetos sin ninguna característica del MetS⁽²¹⁾. En Corea, una investigación concluyó que las personas con niveles normales de PCR en plasma tienen menos probabilidades de tener MetS, a diferencia de los que tenían niveles altos⁽²²⁾.

En una publicación más reciente, encontraron que la evaluación de la PCR podría identificar un grupo más amplio de personas que podrían tener un alto riesgo de MetS, independientemente de su peso⁽²³⁾. Finalmente, un estudio observó que la PCR fue una variable útil y eficaz para predecir el riesgo de desarrollar MetS. La conexión de esta variable y el número de criterios para la MetS también fue clara porque los niveles de PCR aumentaron en presencia

de más factores de MetS, y los niveles de PCR en individuos normales disminuyeron⁽²⁴⁾.

El rol fisiopatológico de la PCR en el MetS es a través de su participación en el proceso de la aterosclerosis, a través de varios mecanismos potenciales: 1) la PCR puede unirse a las LDL oxidadas; 2) la PCR puede disminuir la producción de óxido nítrico e inhibir la angiogénesis; 3) la sinergia entre la PCR y los mediadores inflamatorios podría jugar un papel en la patogénesis de la aterosclerosis; y 4) La PCR también puede activar el complemento^(10,25,26).

Cabe mencionar varias limitaciones de este estudio. El presente análisis se basó en un estudio primario donde se realizó una medición única del nivel de PCR sin repetir las pruebas; sin embargo, una primera toma ya nos aproxima al estado del sujeto en estudio. La población de este estudio solo fue realizada en dos ciudades del país y no de forma nacional, por lo que es posible que esta población no represente a toda la población peruana; no obstante, dada las características que pueden presentar en común, se podría hacer finalmente cierta inferencia.

CONCLUSIÓN

La PCR plasmática se asoció positivamente con MetS en la población peruana del estudio PERU MIGRANT. Los resultados de este estudio sugieren que un proceso inflamatorio de bajo grado puede estar relacionado con la presencia de MetS. Frente a ello, los médicos deben prestar atención a la glucosa, el perfil lipídico y la obesidad central en pacientes con niveles elevados de PCR plasmática.



Contribuciones de autoría: Los autores participaron en la génesis de la idea, diseño de proyecto, recolección e interpretación de datos, análisis de resultados y preparación del manuscrito del presente trabajo de investigación.

Financiamiento: Autofinanciado.

Conflicto de interés: Los autores declaran no tener conflicto de intereses.

Recibido: 09 de octubre 2020

Aprobado: 21 de diciembre 2020

Correspondencia: Víctor Juan Vera Ponce

Dirección: Calle Cantuarias 398, Miraflores 15074.

Teléfono: + 51 940072431

Correo: victor_jvp@hotmail.com

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Engin A. The Definition and Prevalence of Obesity and Metabolic Syndrome. *Adv Exp Med Biol.* 2017;960:1–17. DOI: 10.1007/978-3-319-48382-5_1
- Saklayen MG. The Global Epidemic of the Metabolic Syndrome. *Curr Hypertens Rep.* 2018;20(2):12. DOI: 10.1007/s11906-018-0812-z
- Moore JX, Chaudhary N, Akinyemiju T. Metabolic Syndrome Prevalence by Race/Ethnicity and Sex in the United States, National Health and Nutrition Examination Survey, 1988–2012. *Prev Chronic Dis.* 2017;14:E24. DOI: 10.5888/pcd14.160287
- Chávez V, E J. Prevalencia de sobrepeso y obesidad en el Perú. *Rev Peru Ginecol Obstet.* octubre de 2017;63(4):593–8. ISSN 2304-5132. Disponible en: http://www.scielo.org.pe/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2304-51322017000400012
- Mendrick DL, Diehl AM, Topor LS, Dietert RR, Will Y, La Merrill MA, et al. Metabolic Syndrome and Associated Diseases: From the Bench to the Clinic. *Toxicol Sci Off J Soc Toxicol.* 2018;162(1):36–42. DOI: 10.1093/toxsci/kfx233
- McCracken E, Monaghan M, Sreenivasan S. Pathophysiology of the metabolic syndrome. *Clin Dermatol.* 2018;36(1):14–20. DOI: 10.1016/j.clindermatol.2017.09.004
- Grandl G, Wolfrum C. Hemostasis, endothelial stress, inflammation, and the metabolic syndrome. *Semin Immunopathol.* 2018;40(2):215–24. DOI: 10.1007/s00281-017-0666-5
- Catrysse L, van Loo G. Inflammation and the Metabolic Syndrome: The Tissue-Specific Functions of NF- κ B. *Trends Cell Biol.* 2017;27(6):417–29. DOI: 10.1016/j.tcb.2017.01.006
- Yao Z, Zhang Y, Wu H. Regulation of C-reactive protein conformation in inflammation. *Inflamm Res Off J Eur Histamine Res Soc Al.* 2019;68(10):815–23. DOI: 10.1007/s00011-019-01269-1
- Del Giudice M, Gangestad SW. Rethinking IL-6 and CRP: Why they are more than inflammatory biomarkers, and why it matters. *Brain Behav Immun.* 2018;70:61–75. DOI: 10.1016/j.bbi.2018.02.013
- Rhodes B, Fürnrohr BG, Vyse TJ. C-reactive protein in rheumatology: biology and genetics. *Nat Rev Rheumatol.* 2011;7(5):282–9. DOI: 10.1038/nrrheum.2011.37
- Kazemi-Bajestani SM, Tayefi M, Ebrahimi M, Heidari-Bakavoli AR, Moohebbati M, Parizadeh SM, et al. The prevalence of metabolic syndrome increases with serum high sensitivity C-reactive protein concentration in individuals without a history of cardiovascular disease: a report from a large Persian cohort. *Ann Clin Biochem.* 2017;54(6):644–8. DOI: 10.1177/0004563216676842
- Szmitko PE, Verma S. C-reactive protein and the metabolic syndrome: useful addition to the cardiovascular risk profile? *J Cardiometab Syndr.* 2006;1(1):66–9; quiz 70–1. DOI: 10.1111/j.0197-3118.2006.05340.x
- Mazidi M, Toth PP, Banach M. C-reactive Protein Is Associated With Prevalence of the Metabolic Syndrome, Hypertension, and Diabetes Mellitus in US Adults. *Angiology.* 2018;69(5):438–42. DOI: 10.1177/0003319717729288
- Miranda JJ, Gilman RH, García HH, Smeeth L. The effect on cardiovascular risk factors of migration from rural to urban areas in Peru: PERU MIGRANT Study. *BMC Cardiovasc Disord.* 2009;9:23. DOI: 10.1186/1471-2261-9-23
- Alberti KGMM, Eckel RH, Grundy SM, Zimmet PZ, Cleeman JI, Donato KA, et al. Harmonizing the metabolic syndrome: a joint interim statement of the International Diabetes Federation Task Force on Epidemiology and Prevention; National Heart, Lung, and Blood Institute; American Heart Association; World Heart Federation; International Atherosclerosis Society; and International Association for the Study of Obesity. *Circulation.* 2009;120(16):1640–5. DOI: 10.1161/CIRCULATIONAHA.109.192644
- Yeh ETH, Willerson JT. Coming of age of C-reactive protein: using inflammation markers in cardiology. *Circulation.* 2003;107(3):370–1. DOI: 10.1161/01.cir.0000053731.05365.5a
- Bustos P, Rosas B, Román P, Villagrán J, Amigo H. Síndrome metabólico e inflamación en adultos: Un estudio poblacional. *Rev Médica Chile.* 2016;144(10):1239–46. DOI: 10.4067/S0034-98872016001000001
- Myers GL, Rifai N, Tracy RP, Roberts WL, Alexander RW, Biasucci LM, et al. CDC/AHA Workshop on Markers of Inflammation and Cardiovascular Disease: Application to Clinical and Public Health Practice: report from the laboratory science discussion group. *Circulation.* el 21 de diciembre de 2004;110(25):e545–549. DOI: 10.1161/01.CIR.0000148980.87579.5E
- Oda E, Kawai R. Tentative cut point of high-sensitivity C-reactive protein for a component of metabolic syndrome in Japanese. *Circ J Off J Jpn Circ Soc.* 2009;73(4):755–9. DOI: 10.1253/circ.j.08-0848
- Voils SA, Cooper-DeHoff RM. Association between high sensitivity C-reactive protein and metabolic syndrome in subjects completing the National Health and Nutrition Examination Survey (NHANES) 2009–10. *Diabetes Metab Syndr.* 2014;8(2):88–90. DOI: 10.1016/j.dsx.2014.04.021
- Jeong H, Baek S-Y, Kim SW, Park E-J, Lee J, Kim H, et al. C reactive protein level as a marker for dyslipidaemia, diabetes and metabolic syndrome: results from the Korea National Health and Nutrition Examination Survey. *BMJ Open.* 2019;9(8):e029861. DOI: 10.1136/bmjopen-2019-029861
- Song Y, Yang SK, Kim J, Lee D-C. Association between C-Reactive Protein and Metabolic Syndrome in Korean Adults. *Korean J Fam Med.* 2019;40(2):116–23. DOI: 10.4082/kjfm.17.0075
- Cattafesta M, Bissoli NS, Salaroli LB. Metabolic syndrome and C-reactive protein in bank employees. *Diabetes Metab Syndr Obes Targets Ther.* 2016;9:137–44. DOI: 10.2147/DMSO.S101283
- Ndumele CE, Pradhan AD, Ridker PM. Interrelationships between inflammation, C-reactive protein, and insulin resistance. *J Cardiometab Syndr.* 2006;1(3):190–6. DOI: 10.1111/j.1559-4564.2006.05538.x
- Ridker PM. High-sensitivity C-reactive protein, inflammation, and cardiovascular risk: from concept to clinical practice to clinical benefit. *Am Heart J.* 2004;148(1 Suppl):S19–26. DOI: 10.1016/j.ahj.2004.04.0

