

Polimorfismo genético rs9939609 del gen *FTO* en escolares residentes de Ciudad Victoria, Tamaulipas, México

Daniel Llanas^a, Azucena González^a, Brenda González^a, Omar Amezcua^b, Dvorak Montiel^{a*}

^aLaboratorio de Ciencias Genómicas, FCB-UANL, Av. Universidad s/n, Ciudad Universitaria, San Nicolás de los Garza, Nuevo León, México.

^bFCFM-UANL, Av. Universidad s/n, Ciudad Universitaria, San Nicolás de los Garza, Nuevo León, México.

*dvorak.montielcn@uanl.edu.mx

Palabras clave: *FTO*, SNP rs9939609, obesidad infantil, frecuencia genotípica, frecuencia alélica

Introducción

La obesidad es una enfermedad que se caracteriza por la acumulación excesiva de grasa o hipertrofia general del tejido adiposo en el cuerpo; es decir cuando la reserva natural de energía de los humanos, almacenada en forma de grasa corporal, se incrementa hasta un punto donde se asocia con numerosas complicaciones.¹ En nuestro país, de acuerdo a los datos de la Encuesta Nacional de Salud y Nutrición 2011/2 se indica que, el 34.4% de los niños en edad escolar (ambos sexos, de 5 a 11 años) presentan un diagnóstico de sobrepeso y/u obesidad. A su vez, el 35% de los adolescentes de entre 12 y 19 años presenta algún grado de obesidad o sobrepeso. Se estima que uno de cada cinco adolescentes tiene sobrepeso y uno de cada diez presenta obesidad.² La obesidad multifactorial es resultado de la interacción de distintas variantes genéticas en conjunto con un ambiente obesogénico. Se ha demostrado que entre el 40 y 70% de las variaciones en el índice de masa corporal se deben a factores genéticos y entre un 45 y 60% de las conductas alimentarias se regulan por estos mismos factores. Igualmente, se ha establecido que el riesgo de obesidad es de 2 a 5 veces mayor en personas con antecedentes familiares que en sujetos de familias que no los presentan.³⁻⁴ En este trabajo nos dedicamos a evaluar la presencia del SNP (polimorfismo de un solo nucleótido, por sus siglas en inglés) rs9939609 (T/A) del gen *FTO*, el cual se ha visto que contribuye fuertemente en el desarrollo temprano de la obesidad.⁵

Parte experimental

Se analizaron un total de 134 muestras que combinadas pertenecen a sujetos relacionados (padres, hijos-hermanos), por lo que se contó con menores de edad y personas en edad adulta. Se realizó extracción de ADN de sangre periférica utilizando el método de fenol-cloroformo. La cantidad de ADN se determinó con el instrumento NanoDrop 2000 y su integridad se evaluó por electroforesis en gel de agarosa. Para la determinación de los genotipos se utilizó el sistema Illumina Eco Real Time PCR y dichos experimentos se analizaron con el software Eco Real Time PCR v4.1. Este software permitió agrupar las muestras en homocigotos silvestres T/T, heterocigotos T/A y homocigotos mutados T/A. Se determinó el equilibrio de Hardy-Winberg para la población, utilizando la prueba de χ^2 con nivel de significancia de 0.01%. Se determinaron tanto las frecuencias alélicas como las genotípicas para la población estudiada.

Resultados y discusión

Se logró genotipificar al 100% de los sujetos muestreados, quedando las frecuencias genotípicas de la siguiente manera: 96 homocigotos silvestres (71.64%), 30 heterocigotos (22.38%) y 8 homocigotos mutados (5.97%). Por su parte las frecuencias

alélicas resultaron de la siguiente manera, para el alelo silvestre T la frecuencia fue de 0.83 y para el alelo mutado A la frecuencia fue de 0.17. Los datos obtenidos nos permitieron comparar con estudios previos que se han realizado para este polimorfismo en diferentes poblaciones, esta comparación se muestra en la tabla 1.

Población estudiada	Frecuencias Genotípicas			Frecuencias Alélicas		Referencia
	TT	TA	AA	T	A	
Europea (n=226)	0.257	0.566	0.177	0.54	0.46	HapMap CEU
Africana (n=222)	0.225	0.532	0.243	0.491	0.509	HapMap YRI
Asiática (n=172)	0.663	0.302	0.035	0.814	0.186	HapMap JPT
Afroamericana (n=46)	0.435	0.478	0.087	0.674	0.326	AFD AFR PANEL
Mexicana (n=134)	0.716	0.224	0.06	0.83	0.17	Este estudio

Tabla 1. Tabla comparativa de frecuencias genotípicas y alélicas para rs9939609 en distintas poblaciones.

Conclusiones

Fue posible identificar la presencia de la variante genética rs9939609 del gen *FTO* en una población escolar clínicamente diagnosticada con sobrepeso y obesidad. Se logró implementar una técnica de genotipificación basada en PCR Tiempo Real, a partir de la extracción de adn de sangre periférica y además se logró clasificar al 100% de los sujetos estudiados. Por último, se obtuvieron las frecuencias genotípicas y alélicas para la población en cuestión obteniendo así un resultado preliminar de la presencia y relación del polimorfismo mencionado en una población de niños y adultos de la zona noreste de nuestro país.

Referencias

1. Obesidad y sobrepeso. Nota descriptiva n° 311. Organización Mundial de la Salud. Mayo de 2012.
2. INSP. Encuesta Nacional de Salud y Nutrición. ENSANUT. Secretaría de Salud. 2012; México
3. Willer CJ, Speliotes EK, Loos RJ, Li S, Lindgren CM et al. Six new loci associated with body mass index highlight a neuronal influence on body weight regulation. *Nat Genet.* **2009** Jan;41(1):25-34.
4. Tholin S, Lindroos A, Tynelius P, Akerstedt T, Stunkard AJ, Bulik CM, Rasmussen F. Prevalence of night eating in obese and nonobese twins. *Obesity (Silver Spring).* **2009** 17(5):1050-5
5. Frayling TM, Timpson NJ, Weedon MN, Zeggini E., A common variant in the *FTO* gene is associated with body mass index and predisposes to childhood and adult obesity. *Science* **2007** 316 (5826): 889-94.