

GENÓMICA UNO DE ELLOS HALLA EVIDENCIAS DE LAS DIFERENCIAS ENTRE HOMBRES Y MUJERES

Dos estudios de amplia asociación genómica localizan decenas de 'loci' genéticos vinculados con la obesidad

■ DM

Londres

Dos estudios que se publican hoy en *Nature Genetics* revelan diversas variantes genéticas asociadas a la obesidad. Ruth Loos, del Instituto de Ciencias Metabólicas de Cambridge, en Inglaterra, e Iris Heid, de la Universidad de Regensburg, en Alemania, son las autoras principales de cada uno de los trabajos. El primero, además, tiene participación española: Roberto Elosúa, del Instituto Municipal de Investigación Médica del Hospital del Mar, en Barcelona, ha colaborado en su desarrollo.

La investigación coordinada por Loos se ha basado en un metanálisis de 46 estudios de amplia asociación genómica relativos al índice de masa corporal (IMC), en los que han estado implicadas más de 123.000 personas. Los resultados señalan hacia 18 regiones genómicas



Roberto Elosúa, del IMIM del Hospital del Mar, en Barcelona.

de las que hasta ahora se desconocía relación con el IMC. Además, confirman otras 14 regiones que ya habían sido relacionadas con la obesidad. De entre las 18 nuevas regiones, los investigadores destacan una que

incluye variantes de número de copia cercanas a GPRC5B. Además, subrayan la implicación de otros *locus* (en MC4R, POMC, SH2B1 y BDNF) que se encuentran cerca de importantes reguladores hipotalámicos del ba-

lance energético. Uno de estos últimos se localiza junto a GIPR, un receptor de incretinas.

La segunda investigación también es un metanálisis, en este caso de 32 estudios, en los que analizó en más de 77.000 personas otro de los índices asociados a la obesidad, el índice cintura-cadera (ICC). Los resultados sugieren trece regiones genómicas hasta ahora desconocidas, siete de ellas con un efecto especialmente importante en mujeres, algo que reitera la relevancia de las diferencias entre sexos en relación a la obesidad.

Los *locus* hallados en este caso se sitúan junto a diversos genes, entre los que se encuentran RSPO3, Vegfa, LY86, HOXC13 y NischSTAN1. También destaca la implicación de la señal Lyplali.

■ (*Nature Genetics* 2010; DOI: 10.1038/ng.685-686).