

O DESENVOLVIMENTO DA OBESIDADE E O EFEITO DE VARIANTES DO GENE *TBC1D1*

Roberta Luísa Barbosa Leal¹, Ana Beatriz Martins Topciu Fonseca¹, Kênia Balbi El-Jaick¹

1. Universidade Federal do Estado do Rio de Janeiro

INTRODUÇÃO

A obesidade é definida como o acúmulo excessivo de gordura corporal, causada comumente por fatores ambientais somados à predisposição genética. Entre as variantes gênicas já associadas ao ganho de peso corporal em humanos e animais, apesar de ainda muito pouco estudadas, se destacam as variantes do gene *TBC1D1*, o qual codifica a proteína TBC1D1 que desempenha um importante papel na via de sinalização da insulina. Portanto, este estudo visa identificar possíveis variantes deste gene que sejam relevantes para a predição da predisposição à obesidade e, desta forma, possam representar ferramentas úteis para a indicação de dietas personalizadas para os indivíduos portadores.

MÉTODO

Pesquisas independentes foram realizadas por três revisores. A busca por artigos científicos foi realizada nos bancos de dados de periódicos *Web of Science*, *PubMed* e *Embase*, com os descritores: *TBC1D1*, obesidade, mutação, variante e polimorfismo.

RESULTADOS

As pesquisas nos bancos de dados resultaram na seleção de oito manuscritos de textos completos com informações relevantes para a revisão. Estes estudos demonstraram a associação significativa do alelo T da variante rs35859249 de *TBC1D1* e a proporção de circunferência de cintura e quadril em mulheres com histórico de obesidade familiar. Ademais, uma mutação sem sentido, rs754495972, foi identificada em apenas um indivíduo com fenótipo de obesidade grave, enquanto estudos com camundongos nocaute para o gene *TBC1D1* resultaram em animais com peso corporal reduzido. Segundo os estudos realizados em animais, as células do músculo esquelético de camundongos com deficiência de *Tbc1d1* exibem uma redução na captação de glicose, resultando em um fenótipo magro.

CONCLUSÃO

Apesar de escassos, os estudos revelam que algumas variantes de *TBC1D1* apresentam significância clínica. Em destaque, a variante rs35859249, com o maior número de estudos em humanos, parece ser relevante para a predição do aumento de risco para a obesidade familiar em mulheres. Portanto, considerando os efeitos deletérios desta variante para a regulação do transporte de glicose e para a lipogênese, a indicação de uma dieta personalizada com a utilização de testes genéticos sugere ser uma importante ferramenta para a prevenção e controle do ganho de peso corporal em indivíduos portadores do alelo de risco.

Palavras-chave: Peso Corporal; Polimorfismo Genético; Nutrigenética.

Fonte de financiamento: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPQ) – Programa Institucional de Bolsas de Iniciação Científica (PIBIC).