

Prevalencia del polimorfismo rs9939609 del gen FTO en mujeres postmenopáusicas tamizadas para síndrome metabólico

Peter Chedraui¹, Gustavo S. Escobar¹, Jasson A. Espinoza¹, Isabel Grijalva¹

¹ Instituto de Biomedicina, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Católica de Santiago de Guayaquil, Guayaquil, Ecuador

Introducción: El síndrome metabólico (SMET) es una enfermedad multifactorial de gran trascendencia a nivel mundial, ya que incrementa el riesgo de sufrir insulino-resistencia, diabetes tipo II y muerte por evento cardiovascular. Varios estudios han reportado que variantes génicas entre ellos del gen *FTO* (*FaT* and Obesity gene) se vinculan con obesidad y el SMET.

Objetivo: Determinar la prevalencia del polimorfismo rs9939609 del gen *FTO* en mujeres postmenopáusicas cribadas para el SMET.

Metodología: Este fue un estudio de tipo transversal en el que 192 mujeres postmenopáusicas naturales de 40 a 65 años fueron cribadas para SMET. Para el efecto se le determinó peso (kg), talla (mt), índice de masa corporal (IMC: kg/m²), perímetro de cintura (cm) y presión arterial. Además se cuantificó en ayuno los niveles de HDL-C, triglicéridos y glucosa y se extrajo material genético mediante Kit de extracción **QIAGEN**. ADN fue amplificado mediante reacción de cadena de la polimerasa (PCR) utilizando cebadores específicos para el polimorfismo rs9939609 del gen *FTO*.

Resultados: Un 53.7% de las mujeres tenían SMET según criterio ATP III modificado. La proporción de obesidad (cintura y por IMC), hipertensión, hiperglicemia y trastornos de los lípidos fue mayor entre las mujeres con SMET en comparación con las que no tenían SMET. No se encontró diferencia en la prevalencia del polimorfismo rs9939609 del gen *FTO* entre mujeres que tienen o no SMET. Por otro lado se observó un mayor porcentaje de alelo premutado (AT) entre mujeres con triglicéridos elevados ($p=0.02$). Hubo una tendencia no significativa de mayor proporción de alelos premutados + mutados entre mujeres con glicemias elevadas. Contrario a lo esperado hubo mayor porcentaje de alelos premutados + mutados entre mujeres sin obesidad abdominal. No hubo diferencias significativas en el resto de los parámetros estudiados.

Conclusión: Aunque no se observó mayor porcentaje de mutaciones entre mujeres que tienen SMET; existió una correlación significativa entre el gen premutado y triglicéridos elevados. Se requiere de más investigación en este sentido.

Tabla 1. Prevalencia del SMET y sus componentes

Componentes	SMET n=103 (53.7%)	NO SMET n=89 (46.3%)*
Normal (18.5 a 24.99 kg/m ²)	11 (10.7%)	37 (41.6%)*
Sobrepeso (25 a 29.99 kg/m ²)	42 (40.8%)	29 (32.6%)*
Obesa (30 o más kg/m ²)	50 (49.0%)	23 (25.8%)*
Triglicéridos 150 mg/dL (%)	75 (72.8%)	15 (16.9%)*
Glicemia 110 mg/dL (%)	38 (36.9%)	7 (7.9%)*
HDL-C <50 mg/dL (%)	89 (86.4%)	21 (23.6%)*
Hipertensión HTA (130/85 mm/Hg)	70 (68.0%)	29 (32.6%)*
Obesidad de cintura	77 (74.8%)	34 (38.2%)*
Criterio 3	64 (62.1%)	0
Criterio 4	26 (25.2%)	0
Criterio 5	9 (8.7%)	0
* p < 0.05		

Tabla 2. Prevalencia del polimorfismo rs9939609 AT del Gen FTO según componentes de SMET

PARAMETROS	rs9939609 Mutado (TT, Homocigoto)	rs9939609 Premutado (AT, Heterocigoto)	Mutado (TT) + Premutado (AT)
Obesidad abdominal			
SI= 111	4 (3.6%)	20 (18.0%)	24 (21.6%)
NO= 81	5 (6.2%)	24 (29.6%)	29 (35.6%)
	p=0.62	p=0.05	p=0.02
Triglicéridos 150 mg/dL (%)			
SI= 90	2 (2.2%)	27 (30.0%)	29 (32.2%)
NO= 102	7 (7.0%)	17 (16.7%)	24 (23.7%)
	p=0.23	p=0.02	p=0.17
Glicemia 110 mg/dL (%)			
SI= 45	3 (6.7%)	14 (31.1%)	17 (37.8%)
NO= 147	6 (4.1%)	30 (20.4%)	36 (24.5%)
	p=0.75	p=0.13	p=0.08
HDL-C <50 mg/dL (%)			
SI= 110	6 (5.5%)	26 (23.7%)	32 (29.1%)
NO= 82	3 (3.2%)	20 (22.0%)	23 (25.2%)
	p=0.81	p=0.78	p=0.59
Hipertensión (HTA)			
SI= 99	6 (6.1%)	24 (24.2%)	30 (30.3%)
NO= 93	3 (3.2%)	20 (21.5%)	23 (24.7%)
	p=0.55	p=0.65	p=0.38
Criterio 3			
SI= 64	4 (6.2%)	17 (26.6%)	21 (32.9%)
Criterio 4			
SI= 26	1 (3.9%)	6 (23.0%)	7 (26.9%)
Criterio 5			
SI= 9	0%	3 (33.3%)	3 (33.3%)
	p=0.95	p=0.83	p=0.85