

Identifican cinco variantes genéticas que predisponen a la diabetes tipo 2

El descubrimiento tiene posibles implicaciones sobre la dieta y apunta a que las terapias que se dirijan al zinc podrían ser una buena opción

Redacción, Madrid (18-2-2007).- Investigadores de la Universidad McGill en Montreal (Canadá) han identificado cinco áreas diferentes de cambios en pares de bases de ADN que contribuyen al riesgo de desarrollar diabetes mellitus tipo 2. El descubrimiento, que se publica en la edición digital de la revista *Nature*, ayudará a desentrañar la compleja mezcla de factores genéticos y ambientales que contribuyen a la enfermedad y podría conducir a futuras estrategias terapéuticas.

Los científicos utilizaron una técnica genética de alta definición para observar la ocurrencia de unos 390.000 polimorfismos de nucleótido simple (SNP), regiones particulares del ADN que contienen cambios en un único par de bases, en los genomas de unos 2.000 pacientes con diabetes tipo 2 y más de 2.000 sujetos control.

Las variantes importantes se producen en genes asociados al control de la secreción de insulina y el desarrollo pancreático. Un gene codifica una proteína que ayuda a movilizar los iones de zinc y que sólo se encuentra en los islotes de Langerhans.

Los investigadores identificaron otras cuatro regiones diferentes con SNP que conferían un riesgo significativo de desarrollar la enfermedad y confirmaron una asociación conocida ya entre el gen TCF7L2 y la diabetes tipo dos.

Estas cinco regiones genéticas en conjunto podrían dar lugar al 70 por ciento del riesgo genético, señalan los autores.