



Hallados genes erróneos en diabetes tipo 2 y obesidad

CF

correofarmacologico@correofarmacologico.com

El descubrimiento de nuevos genes asociados a dos de las patologías más prevalentes, como son la obesidad y la diabetes tipo 2 (DM2), ha resultado ser erróneo, según un trabajo internacional que cuenta con la participación del Consejo Superior de Investigaciones Científicas, la Universidad Pablo de Olavide, en Sevilla, y el Centro Nacional de Investigaciones Cardiovasculares Carlos III (CNIC).

Tal y como explican los autores en el último número de *Proceedings of the National Academy of Sciences* se han examinado tres regiones genómicas con mutaciones vinculadas a este tipo de diabetes y a la obesidad, para concluir que, al menos en dos de los ca-

► Entre un 5 y un 10% de asociaciones entre mutaciones y genes estaría mal asignada

sos, las mutaciones afectan en realidad a genes distintos de los que se pensaba.

Los genes que habían saltado a la fama por su asociación con estas patologías eran los siguientes: *Cdkal1*, *Igf2bp2* y *Cdkn2A/Cdkn2B* para diabetes tipo 2, y *FTO* en obesidad. Ahora, gracias a estudios de genómica comparativa entre vertebrados y al uso de técnicas bioinformáticas, este nuevo trabajo ha comprobado que en realidad los genes que parecen

jugar un importante papel en estos trastornos son *HHEX*, *IRX3* y *SOX4*, en lugar de los anteriores.

DESCONOCIMIENTO

“Este tipo de estudios refleja lo poco que conocemos aún sobre los mecanismos de funcionamiento global del genoma y su gran importancia a la hora de interpretar los resultados de las asociaciones genómicas a gran escala con el riesgo de padecer enfermedades prevalentes”, explica Miguel Manzanares, del CNIC.

Los autores estiman que entre un 5 y un 10 por ciento de las asociaciones entre mutaciones, genes y enfermedades podría estar mal asignada, por lo que a través de estos ensayos sería más fácil detectar errores.

doi:10.1073/pnas.0911591107