

**INVESTIGACIÓN** ESTUDIOS EN POBLACIONES ASIÁTICAS CON SECUENCIACIÓN MASIVA

Un metanálisis identifica ocho nuevas regiones genómicas asociadas al riesgo de diabetes tipo 2

■ Redacción

Un estudio llevado a cabo por investigadores de diferentes países asiáticos y que se publica en el último número de *Nature Genetics* revela la existencia de ocho nuevas regiones genómicas asociadas a la diabetes tipo 2. Se trata de un metanálisis de ocho estudios de asociación genómica masiva que incluyeron en conjunto

6.952 casos y 11.865 controles, con otras dos etapas de replicación de los resultados que contaron con más de 18.000 casos. Todos los individuos pertenecían a poblaciones del Este asiático.

Los ocho nuevos *locus* identificados se encuentran en o cerca de *GLIS3*, *PEPD*, *FITM2-R3HDML-HNF4A*, *KCNK16*, *MAEA*, *GCC1-PAX4*, *PSMD6* y *ZFAND3*.

Según los científicos, encabezados por Yoon Shin Cho, del Instituto Nacional de Salud de Corea, aportan nuevas claves sobre la etiología de la enfermedad en personas de origen asiático.

El análisis revela la existencia de mecanismos genéticos de susceptibilidad a la diabetes tipo 2 compartidos con los observados en estudios con sujetos europeos,

mientras que otros son específicos de los asiáticos.

■ (*Nature Genetics*; DOI: 10.1038/ng.1019)