

Gene do diabetes pode ter origem em Neandertal, diz pesquisa



Um **gene** que parece aumentar o **risco do diabetes** em populações da América Latina pode ter sido herdado dos **Neandertais**, de acordo com um estudo americano.

Sabe-se hoje que humanos modernos se miscigenaram com populações de Neandertais logo após deixarem a África, em um período entre 60 mil e 70 mil anos atrás. Isso significa que genes do Neandertal estão agora dispersos pelo genoma de todos os não-africanos.

Os detalhes do estudo foram publicados na revista *Nature*. A variação do gene foi detectada em um vasto estudo de associação sobre o **genoma** de mais de oito mil mexicanos e outros latino-americanos.

O estudo analisa genes de indivíduos diferentes para tentar descobrir se eles estão ligados por alguma particularidade.

As pessoas que carregam a versão de maior risco do gene têm 25% mais chances de desenvolver diabetes do que aqueles que não a tem. Além disso, aqueles que herdaram esses genes de pai e mãe têm 50% mais de chances de ter diabetes.

A forma mais perigosa do gene - chamada **SLC16A11** - foi encontrada em mais da metade das pessoas que possuem ancestrais nativos da América, incluindo a América Latina.

REMÉDIO

Essa variação do gene é encontrada em cerca de 20% das populações do Leste da Ásia e muito rara em habitantes da **Europa** e da **África**.

Uma frequência elevada dessa variação na América Latina pode ser a responsável por até 20% do aumento da prevalência da diabete tipo 2 nessas populações - cujas origens são complexas e pouco entendidas.

"Até agora, estudos genéticos usaram amplamente amostras de pessoas com ancestrais europeus ou asiáticos, o que torna possível a perda de genes que são alterados em frequências diferentes em outras populações", disse um dos coautores da pesquisa, José Florez, professor associado de medicina na Harvard Medical School, de Massachusetts.

"Ao expandir nossa pesquisa para incluir amostras do México e da América Latina, nós descobrimos um dos mais fortes riscos genéticos já achados até agora, o que pode iluminar novos caminhos para atingir a doença com remédios e melhor entendimento dela."

A equipe que descobriu a variante realizou análises adicionais, em colaboração com Svante Paabo, do Instituto Max Planck de Antropologia Evolutiva.

Eles descobriram que a sequência do SLC16A11 associada com o risco de **diabetes tipo 2** é encontrada em uma sequência de genoma de Neandertal recentemente descoberta na caverna Denisova, na Sibéria.

Análises indicam que a versão SLC16A11 foi introduzida em humanos modernos por meio de miscigenação entre os primeiros humanos modernos e Neandertais.

Achar genes de Neandertal não é algo incomum. Cerca de 2% dos genomas da atualidade de não-africanos foram herdadas deste grupo humano, que viveu pela Europa e Ásia ocidental entre 400 mil-300 mil anos e 30 mil anos atrás. Mas os cientistas só estão começando a entender as implicações funcionais dessa herança Neandertal.

"Um dos aspectos mais excitantes desse trabalho é que revelamos uma nova pista sobre a biologia do diabetes", disse outro coautor da pesquisa, David Altshuler, baseado no Broad Institute de Massachusetts.

O SLC16A11 é parte de uma família de genes que codificam **proteínas** responsáveis por várias reações químicas no corpo. Alterar os níveis de proteína SLC16A11 pode mudar a quantidade de um tipo de gordura que está relacionada ao risco de diabetes.

Essas descobertas sugerem que ela poderia estar envolvida no **transporte de um metabólito** desconhecido que afeta os níveis de gordura nas células aumentando assim o risco para o diabetes tipo 2.

Fonte: BBC