

LA OBESIDAD PATERNA SE ASOCIA A HIPOMETILACIÓN DE IGF2 EN LOS RECIÉN NACIDOS: RESULTADOS DE UNA COHORTE DEL NEWBORN EPIGENETICS STUDY (NEST).

PATERNAL OBESITY IS ASSOCIATED WITH IGF2 HYPOMETHYLATION IN NEWBORNS: RESULTS FROM A NEWBORN EPIGENETICS STUDY (NEST) COHORT.

SOUBRY A, SCHILDKRAUT JM, MURTHA A, WANG F, HUANG Z, BERNAL A, KURTZBERG J, JIRTLE RL, MURPHY SK, HOYO C.

ANTECEDENTES:

Los datos de estudios epidemiológicos y de modelos animales sugieren que la nutrición durante el embarazo podría afectar la salud de las generaciones subsiguientes. En la actualidad, estos efectos transgeneracionales se explican por alteraciones a nivel de la maquinaria epigenética. Además de las exposiciones ambientales in vitro, el posible impacto en la reprogramación de los perfiles de metilación en los genes impresos mucho más tempranamente, como durante la espermatogénesis o la ovogénesis, no había sido considerado anteriormente. El objetivo de este estudio fue determinar las asociaciones entre la obesidad previa a la concepción y los perfiles de metilación de ADN del recién nacido, particularmente en las regiones con metilación diferencial (DMRs, por sus siglas en inglés) del gen que codifica para el factor de crecimiento similar a la insulina tipo 2 (IGF2).

MÉTODOS:

Se analizaron 79 muestras de ADN de leucocitos del cordón umbilical de bebés nacidos entre julio de 2005 y noviembre de 2006 en el Duke University Hospital de Durham, Carolina del Norte, Estados Unidos. Sus madres habían participado del estudio NEST (Newborn Epigenetics Study) durante el embarazo. Se obtuvieron las características parentales mediante cuestionarios estandarizados y registros médicos. Se analizaron los patrones de metilación de ADN en dos regiones con metilación diferencial (DMRs) por pirosecuenciación de bisulfito; una DMR hacia arriba del gen IGF2 (IGF2 DMR), y otra DMR hacia arriba del gen cercano H19 (H19 DMR). Se utilizaron múltiples modelos de regresión para determinar las relaciones potenciales entre los patrones de metilación de ADN de los recién nacidos y la obesidad de sus padres antes de la concepción. La obesidad se definió como un índice de masa corporal (IMC) ≥ 30 kg/m².

RESULTADOS:

La hipometilación a nivel de IGF2 DMR se asoció a obesidad paterna. Incluso al ajustar por numerosas características de la madre y del recién nacido, se observó una relación inversa persistente entre la metilación de ADN en el niño y la obesidad del padre (coeficiente beta -5.28, P=0.003). A nivel de H19 DMR, no se observaron asociaciones significativas entre los patrones de metilación y la obesidad paterna. Estos datos sugieren un aumento de la metilación de ADN en las regiones con metilación diferencial (DMRs) de IGF2 y H19 entre los recién nacidos de madres obesas, pero se requiere un estudio de mayor magnitud que permita explorar aún más los efectos potenciales de la obesidad o el estilo de vida de la madre sobre el epigenoma del recién nacido.

CONCLUSIONES:

Si bien esta pequeña muestra resulta limitada, los datos obtenidos revelan un impacto preconcepcional de la obesidad paterna en la reprogramación de la impresión genética durante la espermatogénesis. Dada la importancia biológica de la fidelidad en esta impresión, este estudio brinda evidencia de los efectos transgeneracionales de la obesidad paterna, la cual podría tener influencia sobre la futura salud de su descendencia.

BMC Med. 2013 Feb 6;11(1):29. [Epub ahead of print]

PMID: 23388414 [PubMed - as supplied by publisher]

Artículo completo disponible en: www.biomedcentral.com/1741-7015/11/29

Comentario relacionado disponible en: www.biomedcentral.com/1741-7015/11/30
