

MODULAÇÃO EPIGENÉTICA NA OBESIDADE HUMANA

Alan Li¹, Kathlen Marques Rodrigues², Carolina dos Santos Fernandes da Silva³

¹Graduando em Medicina, Centro Universitário Presidente Antônio Carlos (UNIPAC). E-mail: alanliepp@gmail.com; ²Graduanda em Medicina, Centro Universitário Presidente Antônio Carlos (UNIPAC). E-mail: kathlenmarques@icloud.com; ³Professora, Doutora do Centro Universitário Presidente Antônio Carlos (UNIPAC). E-mail: carolinafernandes@unipac.br

Introdução: A obesidade é uma condição multifatorial que afeta bilhões de pessoas no mundo, sendo considerada uma comorbidade complexa e resultante da interação entre predisposição genética, epigenética, metagenômica e fatores ambientais de risco como alimentação e sedentarismo. Evidências apontam cada vez mais para o aspecto genético da obesidade, fazendo-se importante o entendimento dos gatilhos que influenciam o DNA como fatores de proteção ou de risco. **Objetivos:** Revisar a literatura sobre os fatores epigenéticos associados à obesidade e apontar para os processos de ativação e desligamento de genes já identificados. **Métodos:** Busca ativa de artigos científicos com o tema epigenética na obesidade humana, publicados entre os anos de 2016 a 2021 nas bases de dados do Scielo e Pubmed. **Desenvolvimento:** A obesidade é caracterizada por um desequilíbrio entre a ingestão calórica de um indivíduo e o gasto energético diário, levando a um saldo calórico desproporcional que culmina em descompasso metabólico e pode levar a doenças cardiovasculares, endócrinas, pulmonares, entre outras. No entanto, somente se tinha uma boa compreensão da relação direta dos fatores ambientais como a alimentação, em relação ao cenário endócrino. Mas nos últimos anos tem se tornando cada vez mais evidente o papel desses fatores ambientais na modulação do DNA. Estudos mostram que indivíduos obesos geralmente apresentam hipometilações globais do DNA se comparados a indivíduos não-obesos e que isso impacta diretamente a sua capacidade metabólica total. E quando ocorre a restauração da metilação global do DNA por meio de dieta específica, observou-se melhorias no peso corporal e na sensibilidade à insulina dos indivíduos testados. Sabe-se que a metilação do DNA é um mecanismo epigenético crucial e tem sido extensivamente pesquisado quanto ao seu papel na origem de várias doenças. Outra forma identificada como mecanismo chave na obesidade é a transcrição de genes reguladores do apetite, que quando são silenciados, geralmente via modificação de histonas, por histona desacetilases (HDACs), e histona metiltransferases (HMTs), levam à expressão alterada do produto gênico, assim como ocorre com os genes envolvidos na adiposidade e nas funções metabólicas, evidenciando que alterações epigenéticas estão diretamente relacionadas no fenômeno da adipogênese e podem desempenhar um papel negativo na progressão da obesidade. **Considerações Finais:** Houve avanços significativos na compreensão do papel da epigenética na tradução dos efeitos do ambiente obesogênico em diferentes funções e fenótipos. No entanto, ainda são necessários mais estudos que evidenciem a regulação epigenética de vias biológicas relacionadas à inflamação, estresse oxidativo, dentre outros marcadores importantes da obesidade.

Palavras-Chaves: Metilação de DNA; Obesidade; Transcrição Gênica.