

**Tytuł:** Gen FTO – jego funkcja i związek z otyłością / The Fat-Mass and Obesity-Associated (FTO) Gene – its function and relation to obesity

**Słowa kluczowe:** GEN FTO GENETYKA OTYŁOŚĆ

**Keywords:** FTO GENE GENETICS OBESITY

**Autorzy:**

Jędrzej Sarnecki

Mieczysław Litwin

**Streszczenie:**

Wpływ na ryzyko rozwoju otyłości, poza nieprawidłowymi nawykami żywieniowymi i zbyt małą aktywnością fizyczną, mają także czynniki genetyczne.

Wśród ponad kilkudziesięciu znanych genów, które wpływają na masę ciała, znajdują się między innymi takie geny jak MC4R, TMEM18, TNNI3K, POMC czy FTO. Określone allele genu FTO (ang. fat mass and obesity-associated gene, gen związany z masą tłuszczową i otyłością), leżącego na długim ramieniu 16 chromosomu, mają najsilniejszy spośród dotychczas zidentyfikowanych wariantów genetycznych wpływ na masę ciała. Przeprowadzone przez Claussnitzer i wsp. badanie wskazuje, że pewne warianty tego genu powodują większą ekspresję genów IRX3 i IRX5 w obrębie tkanki tłuszczowej. W następstwie dochodzi do hamowania procesów termogenezy i metabolizmu oraz zwiększania magazynowania lipidów w obrębie adipocytów. Wpływ na masę ciała może również wynikać z potencjalnie hamującego brązowienie tkanki tłuszczowej efektu zwiększenia ekspresji tych dwóch genów.

**Abstract:**

Besides inappropriate diet and insufficient physical activity, also genetic factors have a significant impact on the risk of obesity. TMEM18, TNNI3K, POMC and FTO are some of the identified genes that affect body weight in humans. The fat mass and obesity-associated gene (FTO), located on the long arm of chromosome 16, has the strongest known association with higher BMI in the human genome. Study conducted by Claussnitzer et al. indicates that some variants of the gene lead to an increased expression of the IRX3 and IRX5 genes in fat tissue. As a result thermogenesis and metabolism are decreased and lipid storage is promoted in adipocytes. The effect on the body weight may also be caused by an inhibition of adipocytes browning due to the increased expression of the IRX3 and IRX5 genes.