

# Padrão de adiposidade em crianças e jovens de Moçambique: um estudo de genética quantitativa

## *Adiposity patterns in children and adolescents from Mozambique: a quantitative genetic study*

Silvio Saranga<sup>1</sup>  
Rogério Fermino<sup>2</sup>  
Leonardo Nhantumbo<sup>1</sup>  
Antonio Prista<sup>1</sup>  
José Maia<sup>3</sup>

**Resumo** – O objetivo foi estimar a contribuição dos fatores genéticos no padrão de adiposidade subcutânea de crianças e jovens de Moçambique. Foram mensuradas seis dobras cutâneas (DC) e os sete fenótipos marcadores do padrão de adiposidade foram:  $\Sigma 6DC$ ,  $\Sigma DC$  tronco,  $\Sigma DC$  das extremidades, razão  $\Sigma DC$  tronco/extremidades (RTE), primeira, segunda e terceira componentes principais. A heritabilidade ( $h^2$ ) e a correlação ( $r$ ) nos pares de irmãos foi calculada nos módulos ASSOC e FCOR do *software* de Epidemiologia Genética SAGE 5.3. A  $h^2$  foi elevada nos fenótipos RTE (65%) e terceira componente (50%); e moderada no  $\Sigma 6DC$  (48%),  $\Sigma DC$  das extremidades (45%),  $\Sigma DC$  do tronco (42%), primeira e segunda componente (39% e 33%, respectivamente). No geral, os valores de  $r$  foram moderados nos irmãos do mesmo sexo ( $r$  entre 0,21 e 0,44) e baixos nos irmãos do sexo oposto ( $r$  entre -0,02 e 0,18). Conclui-se que os fatores genéticos são responsáveis por 33 a 65% da variabilidade dos diferentes fenótipos do padrão de adiposidade. Os irmãos do mesmo sexo apresentaram maior agregação familiar do que irmãos de sexo oposto.

**Palavras-chave:** Adiposidade; Genética; Moçambique.

**Abstract** – The aim was to estimate the contribution of genetic factors in the skinfold (SF) patterning of children and adolescents from Mozambique. Six SF were measured, and seven phenotypes were derived:  $\Sigma 6SF$ ,  $\Sigma SF$  from the trunk,  $\Sigma SF$  from the extremities, the  $\Sigma SF$  trunk/extremities ratio (TER), first, second and third principal components. Heritability ( $h^2$ ) and correlations ( $r$ ) in sibships were calculated using the ASSOC and FCOR modules of the SAGE 5.3 Genetic Epidemiology software. The  $h^2$  was high for TER (65%) and the third principal component (50%); moderate for  $\Sigma 6SF$  (48%),  $\Sigma SF$  from the extremities (45%),  $\Sigma SF$  from the trunk (42%), and the second and third principal components (39% and 33% respectively). Overall,  $r$ -values were moderate in same-gender sibships (0.21 to 0.44), and low in sibships of different gender (-0.02 to 0.18). In conclusion, genetic factors explain 33 to 65% of the total variance in different SF patterning phenotypes. Same-gender siblings showed greater familial aggregation in fat patterning than did opposite-gender siblings.

**Key words:** Adiposity; Genetics; Mozambique.

1 Universidade Pedagógica de Moçambique. Faculdade de Ciências da Educação Física e Desporto. Maputo. Moçambique.

2 Universidade Federal do Paraná. Programa de Pós-Graduação em Educação Física. Curitiba, PR. Brasil.

3 Universidade do Porto. CIFI2D, Faculdade de Desporto. Porto, Portugal.

Recebido em 11/09/11  
Revisado em 16/10/11  
Aprovado em 10/11/11



Licença  
Creative Commons

## INTRODUÇÃO

O estudo da composição corporal no contexto clínico e epidemiológico foi possível com base nos avanços metodológicos, instrumentais e no estabelecimento de estratégias para o mapeamento da distribuição da gordura subcutânea e visceral<sup>1</sup>. Genericamente, o padrão de adiposidade refere-se à diferença de valores das dobras cutâneas (DC) em diferentes locais do corpo, ao perfil dos valores corrigidos pela área muscular ou massa corporal ou ainda em relação as diferenças na razão da quantidade de gordura subcutânea e visceral<sup>2</sup>.

O aumento da gordura no tronco está associado a uma maior predisposição de doenças metabólicas, endócrinas e degenerativas, consideradas como uma das principais causas de morte em adultos. O estudo do padrão de adiposidade é relevante pela avaliação do estado nutricional, análise da composição corporal<sup>3</sup> e por sua dependência a condições de desigualdades sociais<sup>4</sup>.

Evidências apontam a presença de agregação familiar no padrão de adiposidade em famílias nucleares<sup>3,5-8</sup>. Contudo, os valores são discrepantes e a ausência de consistência está relacionada com a utilização de distintas maneiras de expressar quantitativamente a noção de padrão de adiposidade, diferentes delineamentos de pesquisa, dimensões amostrais, idade dos indivíduos, número de famílias e procedimentos estatísticos utilizados<sup>3,9-11</sup>. O padrão de adiposidade apresenta uma grande variabilidade nas estimativas de heritabilidade ( $h^2$ ), com valores situados entre 12 e 76%<sup>5,12-15</sup>. Apesar dos resultados serem influenciados por um grau desconhecido do ambiente comumente partilhados por distintos membros da família, bem como interações entre diferentes genótipos e fatores ambientais, é evidente a influência exclusiva de fatores genéticos aditivos<sup>3</sup>.

Os estudos supracitados foram conduzidos em países de renda elevada, o que não representa as características diferenciadas de outras populações<sup>3</sup>. Não são conhecidos estudos provenientes de países em transição sociodemográfica e nutricional como são os países Africanos. O objetivo do estudo foi estimar a contribuição dos fatores genéticos no padrão de adiposidade de crianças e jovens da população rural de Calanga, Moçambique.

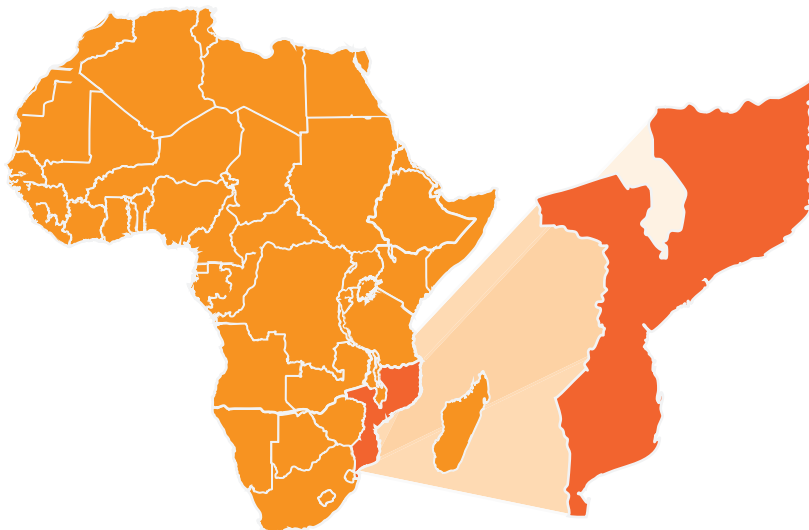
## PROCEDIMENTOS METODOLÓGICOS

### Local do estudo

Moçambique situa-se na costa oriental do continente africano (figura 1), tendo um território de 799.390 km<sup>2</sup> e sua maior parte constituída por um planalto pouco elevado. A região de Calanga pertence ao distrito da Manhica, situado a 75 km ao Norte de Maputo, com uma superfície de 2.373 km<sup>2</sup>. O seu limite a Norte é o distrito de Magude, a Nordeste o distrito de Bilene, Oeste o Oceano Índico, a Sul o distrito de Marracuene e a Sudeste o distrito da Moamba.

A população moçambicana foi estimada em ≈20 milhões de indivíduos. Calanga possui 9.451 habitantes, sendo 3.361 crianças e adolescentes na faixa etária entre seis e 20 anos<sup>16</sup>. A principal fonte de subsistência é a agricultura

familiar. As famílias são tipicamente rurais, bastante isoladas e de baixo nível socioeconômico. As residências são precárias, não existe água canalizada, energia elétrica, assistência médica e a rede escolar é deficitária. As vias de acesso são de terra batida e intransitáveis em alguns períodos do ano<sup>17</sup>.



**Figura 1:** Localização geográfica de Moçambique

### Participantes

De acordo com a listagem do Sistema Nacional de Educação, a localidade de Calanga-Manhiça, província de Maputo, apresentava 12 escolas de ensino primário e secundário, das quais seis foram aleatoriamente selecionadas no processo de amostragem. Nas escolas sorteadas, os objetivos do estudo foram explicados aos diretores que auxiliaram na divulgação do projeto entre os alunos e suas famílias.

As famílias foram convidadas e deveriam demonstrar interesse em envolver seus filhos no estudo. Foram incluídas apenas as crianças e os jovens devidamente matriculadas nas escolas convidadas e que tivessem o irmão/irmã matriculado em alguma outra escola da localidade. Foram excluídos das análises jovens que apresentassem sintomas de malária, aqueles com condição de subnutrição crônica e os pares de irmão que um dos jovens apresentasse idade superior a 18 anos.

Participaram deste estudo 330 indivíduos (52,7% meninos) pertencentes a 132 famílias que apresentavam entre dois e sete filhos, pertencentes a faixa etária dos sete aos 17 anos de idade. Os participantes representam  $\approx 10\%$  da população de Calanga na faixa etária dos seis aos 20 anos. A idade média dos meninos foi de  $11,6 \pm 3,1$  anos e das meninas de  $10,7 \pm 2,6$  anos. Os participantes são integrantes da primeira etapa do projeto “*Estudo da Variabilidade Biológica em Moçambique*”, que teve como objetivo principal oferecer informação sobre a variabilidade na população moçambicana, seu significado e alcance na componente da saúde pública, das políticas socioeconômicas e educativas<sup>17</sup>.

## Medidas antropométricas

As medidas antropométricas foram realizadas por um avaliador experiente e obtidas com um adipômetro de marca *GPM*, devidamente calibrado, com um campo de aplicação 0-45 milímetros. Foram medidas as DC do tríceps, subescapular, suprailíaca, abdominal, coxa e panturrilha<sup>18</sup>.

## Padrão de adiposidade

A determinação do padrão de adiposidade foi realizada com base em dois conjuntos de marcadores. O primeiro conjunto foi estabelecido a partir das sugestões de Perusse et al.<sup>12</sup> no qual os indicadores propostos são quatro: 1)  $\Sigma 6DC$  = tríceps + subescapular + suprailíaca + abdominal + coxa + panturrilha; 2)  $\Sigma DC$  tronco = subescapular + suprailíaca + abdominal; 3)  $\Sigma DC$  extremidades = tríceps + coxa + panturrilha e 4) razão  $\Sigma DC$  tronco/extremidades (RTE) =  $\Sigma DC$  tronco/ $\Sigma DC$  extremidades.

O segundo conjunto foi estabelecido com base na sugestão de Hattori et al.<sup>19</sup> para extrair as componentes principais mais relevantes da matriz de covariância das seis DC (com valores próprios  $\geq 1$ ).

## Aspectos éticos

Os objetivos do estudo foram explicados aos pais, diretores das escolas, chefes e oficiais do posto administrativo e líderes comunitários. Os encarregados de educação alfabetizados leram e assinaram o consentimento informado que detalhava os objetivos e procedimentos do estudo. Aos analfabetos, o termo de consentimento foi lido e solicitado a impressão digital do dedo indicador direito como prova do seu consentimento e participação na pesquisa. O estudo foi aprovado pelas autoridades nacionais de saúde e de educação de Moçambique e pelo Comitê Nacional de Bioética para a Saúde.

## Procedimentos estatísticos

A análise estatística foi realizada em diferentes etapas. A primeira compreendeu a análise exploratória com o objetivo de verificar eventuais erros de entrada de informação, a presença de *outliers* e a normalidade das distribuições (*Kolmogorov-Smirnov*) e o cálculo das médias em cada conjunto dos pares de irmãos. Na segunda fase, foi verificada a estrutura dos dados de cada par de irmãos com o *software* PEDSTATS e realizada a análise exploratória dos indicadores do padrão de adiposidade nos dois modelos propostos. Na terceira fase, com o propósito de remover o efeito de covariáveis dos fenótipos em estudo, recorreu-se à regressão linear múltipla com solução *stepwise*. As covariáveis testadas foram idade, sexo, idade<sup>2</sup>, idade\*sexo e idade<sup>2</sup>\*sexo. Do melhor modelo em cada um dos fenótipos, foram considerados os resíduos estandardizados da regressão para o cálculo posterior das estimativas de  $h^2$  e correlações entre os pares de irmãos (intraclasse para irmãos do mesmo sexo e interclasse para irmãos do sexo oposto) (*software* SPSS 15.0). Por último, as correlações entre os pares de irmãos e as estimativas de  $h^2$  foram calculadas no *software* de Epidemiologia Genética S.A.G.E. 5.3 (módulos FCOR e ASSOC, respectivamente). O

nível de significância foi mantido em 5%. Maiores detalhes sobre o modelo teórico para a estimativa de  $h^2$  podem ser obtidos na literatura<sup>3,20-22</sup>.

## RESULTADOS

A tabela 1 apresenta as medidas descritivas das seis DC utilizadas para o cálculo dos fenótipos do padrão de adiposidade. Os valores das irmãs foram superiores aos dos irmãos.

**Tabela 1.** Valores médios ( $\pm dp$ ) das dobras cutâneas utilizadas para o cálculo dos fenótipos do padrão de adiposidade. Calanga, Moçambique (2006).

Dobra cutânea	Irmãos (n= 174)		Irmãs (n= 156)	
	$\bar{X} \pm dp$	amplitude	$\bar{X} \pm dp$	amplitude
Tríceps (mm)	6,0 $\pm$ 1,4	3,5 - 11,2	7,5 $\pm$ 2,1	3,8 - 15,0
Subescapular (mm)	5,4 $\pm$ 0,9	3,3 - 8,4	6,4 $\pm$ 1,5	3,6 - 12,5
Suprailíaca (mm)	5,8 $\pm$ 1,8	3,0 - 11,8	7,6 $\pm$ 3,0	3,1 - 19,2
Abdominal (mm)	5,6 $\pm$ 1,6	2,9 - 11,2	6,9 $\pm$ 2,6	2,9 - 16,7
Coxa (mm)	8,0 $\pm$ 2,2	3,1 - 16,0	11,8 $\pm$ 4,1	5,3 - 27,7
Panturrilha (mm)	7,6 $\pm$ 1,8	4,1 - 14,3	9,2 $\pm$ 2,3	4,8 - 16,9

mm: milímetros de gordura.

As irmãs apresentam valores mais elevados nos três primeiros fenótipos do padrão de adiposidade (tabela 2). Os três últimos fenótipos referem-se às médias dos escores de cada componente principal. A solução obtida da análise de componente principal permitiu extrair três componentes que explicam 80% da variância total. A primeira componente representa a adiposidade da parte inferior do tronco relativamente a extremidade inferior (panturrilha) (valor próprio=2,07; variância explicada=34%). A segunda refere-se à adiposidade da parte superior do tronco relativamente a extremidade inferior (coxa) (valor próprio=1,67; variância explicada=28%). A terceira componente apresenta um indicador único (DC do tríceps) (valor próprio=1,06; variância explicada=18%).

**Tabela 2.** Valores médios ( $\pm dp$ ) dos diferentes fenótipos do padrão de adiposidade. Calanga, Moçambique (2006).

Fenótipos do padrão de adiposidade	Irmãos (n= 174)		Irmãs (n= 156)	
	$\bar{X} \pm dp$	amplitude	$\bar{X} \pm dp$	amplitude
$\Sigma$ 6 DC (mm)	38,5 $\pm$ 7,4	21,5 - 63,2	49,3 $\pm$ 13,6	29,8 - 100,8
$\Sigma$ DC extremidades (mm)	21,8 $\pm$ 4,4	14,5 - 37,3	27,2 $\pm$ 5,8	17,1 - 39,9
$\Sigma$ DC tronco (mm)	16,8 $\pm$ 3,7	10,1 - 27,1	20,8 $\pm$ 6,5	11,8 - 45,1
RTE	0,8 $\pm$ 0,1	0,5 - 1,2	0,7 $\pm$ 0,1	0,5 - 1,1
1ª componente	0,1 $\pm$ 1,0	-2,5 - 2,7	-0,1 $\pm$ 1,0	-3,1 - 2,6
2ª componente	0,4 $\pm$ 0,9	-2,2 - 2,6	-0,4 $\pm$ 1,0	-2,8 - 2,4
3ª componente	0,1 $\pm$ 1,0	-2,2 - 3,0	-0,1 $\pm$ 0,9	-2,5 - 2,4

$\Sigma$ : somatório, DC: dobras cutâneas, RTE: razão  $\Sigma$ DC tronco/extremidades.

As estimativas de  $h^2$  foram moderadas no  $\Sigma$ 6DC (46%),  $\Sigma$ DC das extremidades (44%),  $\Sigma$ DC do tronco (39%), 1ª componente (38%) e 2ª componentes (33%) e elevadas na RTE (64%) e 3ª componente (49%) (tabela 3).

A tabela 4 apresenta os valores de correlação ( $r$ ) dos sete fenótipos do padrão de adiposidade. Para os irmãos, os valores de  $r$  são moderados, situando entre 0,28 e 0,44, com exceção do  $\Sigma$ DC do tronco ( $r=0,11$ ) e  $\Sigma$ 6DC ( $r=0,18$ ). Nas irmãs, é verificado o mesmo padrão, com  $r$  variando entre 0,21 e 0,34 (exceto na 2ª componente,  $r=0,05$ ). Valores mais baixos foram registrados entre irmãos do sexo oposto, exceto para o  $\Sigma$ 6DC ( $r=0,25$ ) e  $\Sigma$ DC nas extremidades ( $r=0,21$ ).

**Tabela 3.** Estimativa de heritabilidade ( $\pm$ erro padrão) nos fenótipos do padrão de adiposidade. Calanga, Moçambique (2006).

Fenótipos do padrão de adiposidade	Componentes de variância				
	Poligênica	Residual	Variância total	$h^2$	p
$\Sigma$ 6 DC (mm)	0,46 $\pm$ 0,14	0,49 $\pm$ 0,12	0,95 $\pm$ 0,08	0,48 $\pm$ 0,14	<0,001
$\Sigma$ DC extremidades (mm)	0,44 $\pm$ 0,15	0,55 $\pm$ 0,13	0,98 $\pm$ 0,08	0,45 $\pm$ 0,14	0,001
$\Sigma$ DC tronco (mm)	0,39 $\pm$ 0,14	0,55 $\pm$ 0,12	0,93 $\pm$ 0,08	0,42 $\pm$ 0,14	0,001
RTE	0,64 $\pm$ 0,16	0,35 $\pm$ 0,12	0,99 $\pm$ 0,08	0,65 $\pm$ 0,13	<0,001
1ª componente	0,38 $\pm$ 0,14	0,61 $\pm$ 0,13	0,99 $\pm$ 0,08	0,39 $\pm$ 0,13	0,002
2ª componente	0,33 $\pm$ 0,14	0,66 $\pm$ 0,13	0,99 $\pm$ 0,08	0,33 $\pm$ 0,14	0,007
3ª componente	0,49 $\pm$ 0,15	0,49 $\pm$ 0,12	0,99 $\pm$ 0,08	0,50 $\pm$ 0,13	<0,001

$\Sigma$ : somatório, DC: dobras cutâneas, RTE: razão  $\Sigma$ DC tronco/extremidades.

**Tabela 4.** Correlação ( $\pm$ erro-padrão) nos fenótipos do padrão de adiposidade dos diversos pares de irmãos. Calanga, Moçambique (2006).

Fenótipos do padrão de adiposidade	Irmãos (77 pares)	Irmãs (71 pares)	Irmãos de sexo oposto (145 pares)
	$r\pm ep$	$r\pm ep$	$r\pm ep$
$\Sigma$ 6 DC (mm)	0,18 $\pm$ 0,12	0,24 $\pm$ 0,13	0,25 $\pm$ 0,09
$\Sigma$ DC extremidades (mm)	0,28 $\pm$ 0,12	0,21 $\pm$ 0,16	0,21 $\pm$ 0,09
$\Sigma$ DC tronco (mm)	0,11 $\pm$ 0,11	0,26 $\pm$ 0,13	0,17 $\pm$ 0,09
RTE	0,44 $\pm$ 0,11	0,34 $\pm$ 0,16	0,12 $\pm$ 0,10
1ª componente	0,34 $\pm$ 0,12	0,31 $\pm$ 0,13	-0,02 $\pm$ 0,10
2ª componente	0,30 $\pm$ 0,12	0,05 $\pm$ 0,12	0,15 $\pm$ 0,09
3ª componente	0,39 $\pm$ 0,11	0,28 $\pm$ 0,13	0,18 $\pm$ 0,09

$\Sigma$ : somatório, DC: dobras cutâneas, RTE: razão  $\Sigma$ DC tronco/extremidades, ep: erro padrão.

## DISCUSSÃO

Os estudos de agregação têm o objetivo de verificar a presença de transmissão do patrimônio genético e cultural de um conjunto de fenótipos no seio familiar<sup>3</sup>. Uma das estatísticas mais utilizadas para identificar tal agregação é a heritabilidade ( $h^2$  - medida que expressa quanto da variância fenotípica total é explicada por fatores genéticos partilhados). Apesar da sua reconhecida importância, os aspectos biológicos do padrão da adiposidade relacionados a fatores genéticos têm sido pouco explorados, especialmente em irmãos<sup>5,12-14</sup>. No presente estudo, a estimativa de  $h^2$  foi significativa e variou entre 33 e 65%, indicando a importância dos fatores genéticos na adiposidade dos pares de irmãos.

A maior parte dos estudos realizados em famílias avalia as DC consideradas individualmente, ao seu somatório e a RTE<sup>6-8</sup>. No presente estudo,

para o  $\Sigma$ DC do tronco,  $\Sigma$ DC das extremidades,  $\Sigma$ 6DC e RTE os valores de  $h^2$  foram de 42%, 45%, 48% e 65%, respectivamente. Estes resultados são similares aos de outros estudos. Evidências salientam a importância dos fatores genéticos na variabilidade dos diferentes fenótipos do padrão de adiposidade subcutânea<sup>5,12-14,23</sup>. Foram identificadas regiões em diferentes cromossomos (*Linkage studies*) que se pensa conterem genes responsáveis pela variação da adiposidade subcutânea, bem como genes candidatos em estudos de associação do tipo caso-controle que permitem identificar com maior rigor e precisão o significado destas estimativas<sup>24</sup>.

Não foi possível identificar estudos de Epidemiologia Genética com amostras de populações de países em transição sociodemográfica e nutricional, em particular, em países da África Sub-Sahariana<sup>3</sup>. Essa lacuna aponta um desconhecimento da influência dos fatores genéticos no padrão de adiposidade em populações do vasto território moçambicano. As estimativas de  $h^2$  do presente estudo são relevantes devido à pressão ambiental em termos nutricionais, cuidados de saúde primária e doenças infecto-contagiosas que caracterizam a região de Calanga. Esta circunstância poderia constituir um fator impeditivo do potencial genético dos fenótipos considerados. Se tal fato não ocorreu, pode-se sugerir a sua associação ao ambiente comumente partilhado no seio da família e/ou a fatores de ordem sociocultural. Por exemplo, em comunidades de subsistência familiar, na hierarquia para a distribuição de alimentos (pobres em nutrientes), a porção reservada aos filhos é geralmente igual entre os membros dos pares de irmãos.

Ainda assim, os resultados do presente estudo são convergentes com os valores reportados em países de renda elevada. Fermino et al.<sup>15</sup> avaliaram 107 famílias nucleares portuguesas e verificaram estimativas de  $h^2$  em diferentes fenótipos de adiposidade corporal que variaram entre 35 e 43%. Perusse et al.<sup>12</sup> avaliaram 483 americanos pertencentes a 99 famílias nucleares e encontraram estimativas de  $h^2$  moderadas a elevadas de 31%, 34%, 36%, 50% para a gordura total, gordura periférica, gordura central e RTE, respectivamente. Katzmarzyk et al.<sup>14</sup> avaliaram 102 famílias nucleares canadenses e verificaram a variabilidade na RTE, 1ª componente e no  $\Sigma$ DC, com estimativas de  $h^2$  de 30%, 48% e 54%, respectivamente. Este mesmo padrão foi constatado por Butte et al.<sup>6,7</sup> com 319 famílias espanholas ( $h^2$  para a gordura central de 31%), por Rice et al.<sup>13</sup> em americanos e Hunt et al.<sup>5</sup> em canadenses com estimativas de  $h^2$  para a gordura corporal total entre 34% e 54%.

Contudo, Rice et al.<sup>23</sup> avaliaram 412 indivíduos pertencentes a 105 famílias nucleares canadenses e verificaram estimativas para a gordura corporal total de apenas 16%. Perusse et al.<sup>12</sup> sugerem que a RTE comporta uma maior influência genética que a quantidade de gordura subcutânea, tendo sido identificado um gene candidato (ADRAZ: 10p24-q26) que se pensa regular seus valores<sup>25</sup>.

A investigação acerca do estudo da descrição do padrão de adiposidade subcutânea a partir da análise em componentes principais é relativamente variada em países como Estados Unidos e Canadá. É consensual a utilização

de três ou mais componentes<sup>14,26</sup> cuja descrição é semelhante à reportada na presente pesquisa. Em contrapartida, são poucas as pesquisas que abordam aspectos da sua dependência genética. Nos pares de irmãos de Calanga, Moçambique extraíram-se três componentes principais cujas estimativas de  $h^2$  foram de 39%, 33% e 50% respectivamente. O maior valor foi registrado na 3ª componente com um indicador único (tricipital). Outras pesquisas salientam de modo idêntico que um percentual significativo da variação de cada componente se deve a fatores genéticos e do envolvimento, partilhado pelos familiares. Li et al.<sup>26</sup> analisaram 1.237 canadenses pertencentes a 308 famílias nucleares e verificaram que o efeito aditivo dos genes explicou 34%, 40% e 48% da variação nas 1ª, 2ª e 3ª componentes, respectivamente. Katzmarzyk et al.<sup>14</sup> referiram estimativas de  $h^2$  para a 1ª componente de 48%. Não é evidente que o conjunto destas componentes esteja associado a qualquer gene com um efeito maior, não obstante a sua associação a genes candidatos, bem como a QTL's (*Quantitative Trait Loci*) de reduzida magnitude de efeito<sup>24</sup>. Ainda que a influência dos fatores genéticos nas componentes principais do padrão de adiposidade seja inequívoca, alguns autores sugerem a existência de uma interação entre fatores genéticos e ambientais na variabilidade observada no padrão de adiposidade<sup>5</sup>. Hunt et al.<sup>5</sup> salientaram para a importância dos fatores ambientais comumente partilhados pelas famílias nucleares na variabilidade observada no padrão de adiposidade (por exemplo hábitos nutricionais e atividade física).

Outra forma possível para a interpretação das estimativas de  $h^2$  é verificar o padrão de agregação familiar pelos valores de correlação nos pares de irmãos<sup>3</sup>. O padrão de correlações encontrado para os fenótipos sugere a presença de agregação entre membros da mesma família, o que reforça a ideia de uma componente genética a governar a variabilidade observada nos pares de irmãos da população rural de Calanga, Moçambique. Fermino et al.<sup>15</sup>, em irmãos da mesma faixa etária a do presente estudo, encontraram valores positivos de correlação que variaram entre 0,01 e 0,65 em diferentes indicadores de adiposidade. Bouchard<sup>27</sup> referiu valores que variaram entre 0,32 e 0,42. Não obstante a correção para diferentes covariáveis é possível que a correlação observada entre irmãos esteja relacionada com diferenças maturacionais, uma vez que foram avaliadas meninas pré e pós-púberes. Os valores mais baixos de correlação foram obtidos entre irmãos de sexo oposto. Esta característica sugere aspectos do dimorfismo sexual na expressão diferencial no padrão de adiposidade, provavelmente associada a alterações morfológicas e crescimento dos jovens (distribuição da gordura subcutânea e desenvolvimento do tecido adiposo<sup>28,29</sup>). Na puberdade, a mudança no padrão de adiposidade apresenta maior acúmulo de gordura nas meninas. Ainda assim, nos meninos existe a tendência para o acúmulo de gordura andróide, enquanto nas meninas, a tendência é para uma maior localização de gordura ginóide.

É importante referir que os resultados obtidos nos pares de irmãos são influenciados por um efeito comumente partilhado. A comprovação de que os fatores ambientais são importantes na variação dos valores destes



fenótipos, representa um sinal de máxima importância em termos de cuidados primários de saúde e nutricional, a que se adicionam repercussões evidentes na sua capacidade de trabalho.

Ainda que este seja o único estudo de Epidemiologia Genética realizado em países de renda baixa, algumas limitações devem ser consideradas na interpretação dos resultados. A reduzida dimensão amostral e o delineamento transversal não permitem salientar a complexa interação entre genótipo e condições ambientais. Por outro lado, as análises com os pares de irmãos proporcionam uma adequada compreensão das componentes subjacentes à variação observada em distintos fenótipos do padrão de adiposidade subcutânea. Futuros estudos, com delineamento transversal, longitudinal e caso-controle devem ser realizados em pares de irmãos ou famílias nucleares com o intuito de melhor esclarecer a contribuição dos fatores genéticos em indicadores da adiposidade corporal. Do mesmo modo, é importante a realização de pesquisas sobre a interação entre genótipo e fatores ambientais em distintas situações nutricionais (desnutrição/obesidade) e níveis de atividade física.

## CONCLUSÃO

Os fatores genéticos são responsáveis por 33 a 65% da variabilidade dos diferentes fenótipos do padrão de adiposidade subcutânea. Os irmãos do mesmo sexo apresentaram maior agregação familiar do que irmãos de sexo oposto.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Mattsson S, Thomas BJ. Development of methods for body composition studies. *Phys Med Biol* 2006;51(13):203-28.
2. Goodpaster BH. Measuring body fat distribution and content in humans. *Curr Opin Clin Nutr Metab Care* 2002;5(5):481-7.
3. Fermino RC, Garganta R, Seabra A, Maia JAR. Efeitos genéticos e ambientais nos indicadores da composição corporal. Uma revisão centrada em estudos de agregação familiar. *Rev Bras Cineantropom Desempenho Hum* 2007;9(4):414-23.
4. Belahsen R, Mziwira M, Fertat F. Anthropometry of women of childbearing age in Morocco: body composition and prevalence of overweight and obesity. *Public Health Nutr* 2004;7:523-30.
5. Hunt MS, Katzmarzyk PT, Perusse L, Rice T, Rao DC, Bouchard C. Familial resemblance of 7-year changes in body mass and adiposity. *Obes Res* 2002;10(6):507-17.
6. Butte NF, Comuzzie AG, Cole SA, Mehta NR, Cai G, Tejero M, et al. Quantitative genetic analysis of the metabolic syndrome in Hispanic children. *Pediatr Res* 2005;58(6):1243-8.
7. Butte NF, Cai G, Cole SA, Comuzzie AG. Viva la Familia Study: genetic and environmental contributions to childhood obesity and its comorbidities in the Hispanic population. *Am J Clin Nutr* 2006;84(3):646-4.
8. Hsu FC, Lenchik L, Nicklas BJ, Lohman K, Register TC, Mychaleckyj J, et al. Heritability of body composition measured by DXA in the diabetes heart study. *Obes Res* 2005;13(2):312-9.
9. Speakman JR. Obesity: the integrated roles of environment and genetics. *J Nutr* 2004;134(8 Suppl):2090S-2105S.

10. Borecki IB, Rice T, Bouchard C, Rao DC. Commingling analysis of generalized body mass and composition measures: The Quebec Family Study. *Int J Obes (Lond)* 1991;15(11):763-73.
11. Treuth MS, Butte NF, Ellis KJ, Martin LJ, Comuzzie AG. Familial resemblance of body composition in prepubertal girls and their biological parents. *Am J Clin Nutr* 2001;74(4):529-33.
12. Perusse L, Rice T, Province MA, Gagnon J, Leon AS, Skinner JS, et al. Familial aggregation of amount and distribution of subcutaneous fat and their responses to exercise training in the HERITAGE family study. *Obes Res* 2000;8(2):140-50.
13. Rice T, Daw EW, Gagnon J, Bouchard C, Leon AS, Skinner JS, et al. Familial resemblance for body composition measures: the HERITAGE Family Study. *Obes Res* 1997;5(6):557-62.
14. Katzmarzyk PT, Malina RM, Perusse L, Rice T, Province MA, Rao DC, et al. Familial resemblance in fatness and fat distribution. *Am J Human Biol* 2000;12(3):395-404.
15. Fermino RC, Seabra A, Garganta R, Valdívía AB, Maia JAR. Um estudo de genética quantitativa sobre a agregação familiar na composição corporal de famílias nucleares portuguesas. *Rev Port Cien Desp* 2008;8(1):77-84.
16. INE. Instituto Nacional de Estatística, Recenseamento geral da população. Maputo, Moçambique. 2006.
17. Nhantumbo L, Maia J, Saranga S, Fermino R, Prista A. Efeitos da idade, do sexo e da área geográfica no crescimento somático e aptidão física nas crianças e jovens rurais de Calanga, Moçambique. *Rev Bras Educ Fís Esp* 2007;21(4):271-89.
18. Lohman TG, Roche AF, Martorell R. Antropometric standardization reference manual. Human Kinetics; Champaign: 1988.
19. Hattori K, Becque MD, Katch VL, Rocchini AP, Boileau RA, Slaughter MH, et al. Fat patterning of adolescents. *Ann Hum Biol* 1987;14(1):23-8.
20. Burton PR, Tobin MD, Hopper JL. Key concepts in genetic epidemiology. *Lancet* 2005;366(9489):941-51.
21. Abecasis GR, Cardon LR, Cookson WOC. A general test of association for quantitative traits in nuclear families. *Am J Hum Genet* 2000;66:279-92.
22. Wigginton JE, Abecasis GR. PEDSTATS: descriptive statistics, graphics and quality assessment for gene mapping data. *Bioinformatics* 2005;21(16):3445-7.
23. Rice T, Perusse L, Bouchard C, Rao DC. Familial aggregation of body mass index and subcutaneous fat measures in the longitudinal Quebec family study. *Genet Epidemiol* 1999;16(3):316-34.
24. Rankinen T, Zuberi A, Chagnon YC, Weisnagel SJ, Argyropoulos G, Walts B, et al. The human obesity gene map: the 2005 update. *Obesity* 2006;14(4):529-44.
25. Garenc C, Perusse L, Chagnon YC, Rankinen T, Gagnon J, Borecki IB, et al. The alpha 2-adrenergic receptor gene and body fat content and distribution: the HERITAGE Family Study. *Mol Med* 2002;8(2):88-94.
26. Li Z, Rice T, Pérusse L, Bouchard C, Rao DC. Familial aggregation of subcutaneous fat patterning: Principal components of skinfolds in the Québec family study. *Am J Hum Biol* 1996;8(4):535-42.
27. Bouchard C. Introductory notes on the topic of fat distribution. In: Bouchard C, Johnston, FE. *Fat distribution during growth and later health outcomes*. New York: Allan R. Liss, Inc; 1988.
28. Webster-Gandy J, Warren J, Henry CJ. Sexual dimorphism in fat patterning in a sample of 5 to 7-year-old children in Oxford. *Int J Food Sci Nutr* 2003;54(6):467-71.
29. Gultekin T, Akin G, Ozer BK. Gender differences in fat patterning in children living in Ankara. *Anthropol Anz* 2005;63(4):427-37.

#### Endereço para correspondência

José António Ribeiro Maia  
 Laboratório de Cineantropometria e  
 Gabinete de Estatística Aplicada  
 Faculdade de Desporto da  
 Universidade do Porto  
 Rua Plácido Costa, 91 – 4200-450,  
 Porto, Portugal  
 Email: jmaia@fade.up.pt