



Artigo de revisão

Rogério César Fermino¹
Rui Garganta¹
André Seabra¹
José António Ribeiro Maia¹

EFEITOS GENÉTICOS E AMBIENTAIS NOS INDICADORES DA COMPOSIÇÃO CORPORAL. UMA REVISÃO CENTRADA EM ESTUDOS DE AGREGAÇÃO FAMILIAR

GENETIC AND ENVIRONMENTAL FACTORS IN BODY COMPOSITION. A REVIEW BASED UPON STUDIES OF FAMILIAL AGGREGATION

RESUMO

O objetivo principal dessa revisão foi abordar aspectos relacionados com a influência dos fatores genéticos e ambientais nos indicadores da composição corporal. Realizou-se uma pesquisa na base de dados *Pubmed*, selecionando-se os estudos que apresentassem informações acerca de agregação familiar, com base em estimativas de heritabilidade, em delineamentos de famílias nucleares e/ou *pedigrees* extensos, em que as técnicas para a avaliação da composição corporal fossem a densitometria computadorizada por absorciometria radiológica de dupla energia, a pesagem hidrostática, a tomografia computadorizada, a impedância bioelétrica ou a mensuração de dobras cutâneas. Os resultados mostraram que uma parte moderada a elevada dos diferentes fenótipos da composição corporal são condicionados por fatores genéticos, evidenciando uma forte agregação familiar. Verificou-se uma ampla variabilidade nas estimativas de heritabilidade inter e intra fenótipos. Além das diferenças nas técnicas utilizadas, a discrepância pode ser devida a aspectos relacionados com a magnitude da amostra, aspectos étnicos e culturais inerentes a cada população e o *design* do estudo. Conclui-se que os fenótipos da composição corporal são de natureza multifatorial onde, em alguns casos, o ambiente possui uma forte contribuição na característica observada. Os fatores genéticos são responsáveis por 30 a 76% da variabilidade dos diferentes fenótipos da composição corporal.

Palavras-chave: Epidemiologia genética; Heritabilidade; Semelhança; Famílias.

ABSTRACT

The main purpose of this study was to review relevant information related to genetic and environmental factors influencing different indicators of body composition. Based upon *Pubmed* data, a search was made concerning studies related to information of familial aggregation with heritability estimates using nuclear families and/or extended pedigree and which had assessed body composition by means of DEXA, hydrostatic weighting, computerized tomography, bioelectric impedance or skinfolds. The results showed that a moderate to high familial clustering in body composition values are the result of genetic factors. A great deal of variability was detected in estimates of heritability by different measures of body composition as well as within the same measures. It has been suggested that different measurement techniques, sample sizes, and ethnic and cultural aspects may explain these discrepancies. In conclusion, it is important to stress the multifactorial nature of these complex phenotypes, which in some cases are highly susceptible to environmental factors. Genetic influences are responsible for 30 to 76% of the total variance of body composition measures.

Key words: Genetic epidemiology; Heritability; Resemblance; Families.

¹ Laboratório de Cineantropometria e Gabinete de Estatística Aplicada. Faculdade de Desporto da Universidade do Porto, Porto – Portugal

INTRODUÇÃO

O estudo da composição corporal (CC) baseia-se na quantidade, relativa e absoluta, de peso corporal de um indivíduo que pode ser representado, basicamente, em um modelo de dois compartimentos, por gordura e massa livre de gordura (MLG)¹. A determinação dos indicadores da CC possui aplicações em diversas áreas das Ciências do Esporte. Inseridas em um amplo leque de possibilidades, é muito comum sua utilização com os mais variados objetivos, de que destacamos: (1) verificar possíveis modificações na CC em resultado dos efeitos induzidos por programas de treinamento; (2) identificar o risco de saúde associado com níveis elevados de gordura corporal (GC); (3) monitorizar alterações na GC e na MLG afim de explicar aspectos do metabolismo energético e o processo de algumas doenças, com o intuito de desenvolver estratégias de intervenções no âmbito nutricional e de atividade física adequada, afim de amenizar a perda de MLG; (4) monitorizar o crescimento e as mudanças na CC relacionadas à idade².

A importância da análise dos indicadores da CC em termos epidemiológicos recai sobre o fato da distribuição de GC ser reconhecida como uma das características principais que podem estar associadas ao maior risco para determinadas doenças crônicas³. Não obstante, o excesso de peso e adiposidade estão associados a diversas doenças como a hipertensão arterial, doença arterial coronariana, dislipidemia, diabetes tipo II e alguns tipos de câncer^{4,5}. Os efeitos adversos na saúde oriundos da quantidade elevada de GC e a deficiência de tecido muscular (sarcopenia) proporcionaram um crescente interesse em determinar a importância dos fatores genéticos e ambientais que governam a variabilidade destes fenótipos⁶. É pois importante compreendermos o significado dos seus efeitos na variabilidade dos diversos fenótipos da CC.

Tanto os fatores genéticos quanto os ambientais contribuem para a causa da obesidade³, e essa apresenta uma elevada prevalência em ambos os sexos e em todas as faixas etárias. Os dados fornecidos pelo *National Health and Nutrition Examination Survey* realizado pelo *Center for Disease Control and Prevention* dos Estados Unidos da América (EUA), demonstraram que, nos últimos anos, a prevalência de sobrepeso e obesidade vem aumentando tendencialmente⁷. Em crianças e adolescentes (2 – 19 anos) a prevalência de sobrepeso foi de 13,9; 15,4 e 17,1%, respectivamente para os anos de 1999-2000, 2001-2002 e 2003-2004. Entre os adultos, a prevalência de sobrepeso e/ou obesidade é ainda maior e apresenta dados preocupantes sob o ponto de vista de Saúde Pública. Em 1999-2000, 2001-2002 e 2003-2004 as prevalências foram de 64,5; 65,7 e 66,3%, respectivamente⁷. Para além disso, a obesidade (marcada pelo IMC ≥ 30 kg/m²) também está correlacionada com uma elevada taxa de mortalidade, de acordo com uma estatística do ano de 2000⁸, na qual é referido que esta síndrome provocou 111.909 mortes a mais (IC_{95%} 53.754-170.064),

quando comparada relativamente aos indivíduos normoponderais (IMC 18,5-24,9 kg/m²). Contudo, o sobrepeso (IMC 25-30 kg/m²) não foi associado com mortalidade. Devido ao fato de atingir um grande contingente populacional e estar relacionada a um grande número de mortes, a obesidade apresenta um elevado custo social e econômico. Para as crianças e adolescentes, os gastos anuais com cuidados médicos entre os anos de 1997 e 1999 foram de 127 milhões de dólares. Entre os adultos, no ano de 2001, foi estimado que os gastos diretos e indiretos com sobrepeso e a obesidade atingiram as cifras de 117 bilhões de dólares. Além disso, os custos de produtividade perdida relacionados à obesidade representam cerca de 3,9 bilhões de dólares⁹.

Os fenótipos que constituem a CC podem ser classificados como complexos, ou seja, são poligênicos (em consequência do efeito aditivo de um conjunto indiferenciado de genes) e multifatoriais (causados por diversos outros fatores que agem de modo aditivo e em interação). Butte et al.⁵ ressaltam que nos EUA a epidemia de obesidade infantil pode ser atribuída a uma interação entre o componente genético (predisposição) e um ambiente facilitador a refeições calóricas facilmente acessíveis e comportamentos sedentários.

A influência familiar em um determinado fenótipo pressupõe a interação entre fatores genéticos e ambientais partilhados entre membros da família, e neste sentido entendidos por fatores ambientais familiares (por exemplo: hábitos nutricionais e níveis de atividade física). Dessa maneira, é inquestionável a forte influência dos agentes de socialização onde os progenitores se tornam modelos de referência para os descendentes em diversos aspectos dos hábitos de vida. Para Maia et al.¹⁰, no ambiente familiar são transmitidos aos descendentes os hábitos, atitudes e valores culturalmente aceitos em uma determinada sociedade ou classe social. De acordo com Pérusse et al.¹¹, os estudos realizados em famílias com base em medidas antropométricas revelam que os genes e o ambiente, comumente partilhado entre membros da família, contribuem para a agregação familiar (AgF) na gordura subcutânea (GSubc). Rice et al.¹² verificaram que o componente genético tem influência no tamanho corporal, quando avaliado pelo IMC.

De certa maneira são restritas as evidências de AgF a fim de analisar a importância dos fatores genéticos e ambientais comumente partilhados responsáveis pela variabilidade dos valores obtidos nos diferentes fenótipos da CC. No espaço Lusófono, não são conhecidos estudos sobre com este tipo de abordagem.

O objetivo desse estudo foi realizar uma revisão breve e atualizada da literatura acerca da influência dos fatores genéticos nos indicadores da CC. Para referenciar a informação mais relevante, foi realizada uma pesquisa na base de dados *Pubmed*, considerando os seguintes critérios de inclusão para as referências: (1) estudos de AgF que centrassem seus resultados em estimativas de heritabilidade (h^2) com base em delineamentos com famílias nucleares e/ou *pedigrees*

extensos; (2) estudos a partir de 1996 nos quais as técnicas de avaliação da CC fossem a densitometria computadorizada por absorciometria radiológica de dupla energia (DEXA), a pesagem hidrostática (PH), a tomografia computadorizada (TC), a impedância bioelétrica (BIA) ou a mensuração de dobras cutâneas (DC). A apresentação da informação mais importante desta revisão será dividida em duas etapas: em primeiro lugar trataremos didaticamente dos passos fundamentais da pesquisa em Epidemiologia Genética no estudo da CC; em seguida, apresentaremos sumariamente os dados mais relevantes em AgF (com estimativas de h^2) em estudos com as técnicas supracitadas.

Etapas da pesquisa em Epidemiologia Genética

A Epidemiologia é tradicionalmente definida como o estudo da distribuição dos fenômenos associados à saúde/doença em termos populacionais, bem como os seus determinantes e/ou fatores condicionantes¹³. Genericamente, a Epidemiologia Genética é entendida como uma área de pesquisa próxima da Epidemiologia tradicional que tem como finalidade principal estudar a influência genotípica em diferentes características ou fenótipos que tendem a agrupar-se em estruturas familiares¹³. Os estudos em Epidemiologia Genética têm como principal objetivo analisar a distribuição de características no seio das famílias, com vista à compreensão da sua possível origem genética, procurando conciliar as informações de natureza quantitativa e qualitativa¹⁴.

A detecção e a avaliação da magnitude da AgF em um ou vários fenótipos são os primeiros passos na análise genética quantitativa de qualquer característica externa apresentada pelos indivíduos. Para Maia et al.¹⁴, AgF é a tendência para determinados fenótipos se aglomerarem, com frequência, entre familiares com graus de parentesco diferentes. Em outras palavras, por

AgF entende-se o compartilhamento de genes e fatores ambientais entre indivíduos de uma mesma família. Dessa maneira, as pesquisas sobre AgF em famílias nucleares têm como objetivo verificar a presença de transmissão do patrimônio genético e cultural entre progenitores e descendentes¹⁵. A existência da agregação pode ser verificada pela maior semelhança fenotípica entre parentes do que entre indivíduos não aparentados e a sua magnitude pode ser estimada pela correlação fenotípica entre pares de indivíduos. Por exemplo, a AgF tende a ser maior na relação entre pais-filhos (primeira e segunda geração) em uma família nuclear, do que na relação entre avós-netos (primeira e terceira geração) em um *pedigree* extenso. A Figura 1 apresenta o heredograma de uma família nuclear com duas gerações (pai, mãe e filhos) e de um *pedigree* "extenso", com quatro gerações (bisavós, avós, tios-avós e tia paternos, pai, mãe e filhos).

Uma forma simples de constatar a agregação, e conseqüentemente obtermos informações acerca dos efeitos genéticos, resulta da interpretação da magnitude dos coeficientes de correlação (r) entre membros da família, intraclasse para membros do mesmo sexo e plano geracional e interclasse a todos os outros. Por exemplo, em famílias nucleares é possível calcular oito correlações: cônjuges, pai-filho, pai-filha, mãe-filho, mãe-filha, irmão-irmão, irmã-irmã e irmão-irmã. Se multiplicarmos o valor do r por 100 e se o tratarmos como um percentual, teremos uma medida simples que expressa o quanto da variação total do fenótipo, em questão, é governada por fatores partilhados por cada membro da família, evidenciando assim diferenças nos padrões de semelhança ou AgF¹⁴.

Uma vez verificada a AgF (r significativamente maior do que zero), o segundo passo é calcular a h^2 . A h^2 é uma razão (calculada com base nos valores do r obtida pelo método de verossimilhança¹⁶) que quantifica a proporção

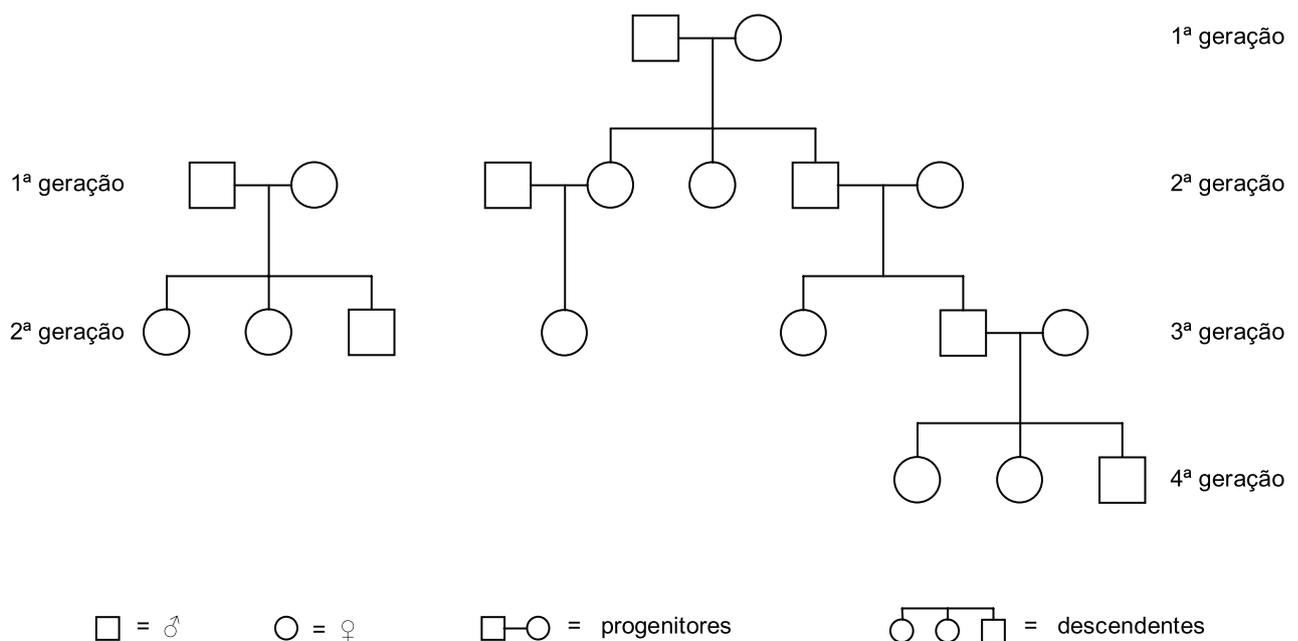


Figura 1. A figura da esquerda e da direita ilustram o heredograma de uma família nuclear (duas gerações) e de um pedigree "extenso" (quatro gerações), respectivamente.

da variância total de um fenótipo que pode ser atribuída a fatores genéticos, em detrimento dos fatores ambientais e/ou culturais no seio da família^{4,13,14,17}. Ou seja, determina a importância relativa dos fatores hereditários na característica do fenótipo observado. A análise genética de um fenótipo baseia-se no estudo da sua variação. Basicamente, qualquer fenótipo (P) é constituído por duas componentes adicionais, a componente genética (G) e a componente do envolvimento (E). Dessa maneira temos: $P = G + E$ ^{18,19}. Com base no modelo clássico da Genética Quantitativa, em termos populacionais, a variância total do fenótipo (V_{TOT}) pode ser fracionada em dois tipos de variância – a genética (V_G), ou diferenças genéticas interindividuais e a do envolvimento (V_E). Desse modo, a estimativa de h^2 é genericamente dada pela equação: $h^2 = V_G / V_{TOT}$ ^{10,14}. A h^2 é expressa em uma escala cuja amplitude varia entre zero e um (ausência de contribuição genética e contribuição genética total, respectivamente)¹³. Por exemplo, se a estimativa de h^2 para a GC for de 0,55, isso significa que 55% da variância total desse fenótipo é devido a diferenças genéticas interindividuais, ficando o restante a dever-se aos fatores ambientais. Dessa maneira, um elevado valor de h^2 , em um determinado fenótipo, pressupõe uma forte determinação genética¹⁸. Contudo, a estimativa de h^2 de uma característica é apenas um passo para determinar a influência relativa da hereditariedade em detrimento dos fatores do envolvimento e/ou ambientais na variabilidade da expressão fenotípica. Ela só pode ser aplicada a uma determinada população, em um momento particular, sob as condições ambientais inerentes ao espaço geográfico e temporal. Dessa maneira, não pode ser atribuído um valor absoluto, real e fixo, para o fenótipo¹⁸.

Após verificado que a variação da característica observada é determinada, também, por fatores genéticos, numa terceira fase recorre-se a estudos de *linkage*. Esses estudos representam um passo importante na identificação de regiões cromossômicas que se pensa conter os genes (candidatos) responsáveis pela variação na característica em causa na população^{20,21}. O pressuposto da análise é que quanto menor a distância entre dois *loci* no mesmo cromossoma (o *locus* contendo um marcador e um segundo contendo o gene responsável pelo fenótipo), maior é a chance de que estes alelos estejam “ligados” geneticamente²⁰. Então, diz-se que há *linkage* quando se verifica que certos alelos segregam conjuntamente em indivíduos afetados e quando existe uma proximidade mensurável entre genes (medida em *centimorgans* – cM) ao longo do cromossoma^{20,21}. A partir daí e com base no sequenciamento do genoma (do inglês *genome wide scan*) e com auxílio de procedimentos estatísticos sofisticados, é possível identificar os genes que estão na região candidata (que podem ser da ordem das dezenas a milhares). Tradicionalmente, a determinação de *linkage* requer que seja atingido um *lod score* maior que três. Valores entre 1,5 e três sugerem a existência de *linkage*. No outro extremo, a sua inexistência é dada pelo achado de *lod score* ≤ -2 ^{20,21}.

Por fim, são realizados estudos com o intuito de identificar e comparar a importância de um ou mais genes candidatos, e seus variantes, que se especula regularem

os resultados obtidos no fenótipo estudado²². Assim, este tipo de pesquisa detecta associação entre um ou mais polimorfismos genéticos (ou variações alélicas) e uma característica, que pode ser descrita de forma quantitativa contínua ou discreta²³. Os estudos clássicos são baseados em delineamentos de caso-controle em populações (caso – portadores de uma determinada característica, e os controle – sem a característica), a fim de testar se as frequências alélicas e genotípicas do gene candidato em causa condicionam os resultados obtidos no fenótipo em estudo²². De maneira diferente aos estudos de AgF e *linkage*, os de associação não necessitam de estruturas familiares especiais²³, embora possam considerar trios ou famílias nucleares.

Como nesse artigo trataremos apenas das pesquisas centradas na segunda etapa dedicada às estimativas de h^2 nos fenótipos relacionados a CC. Sugerimos aos leitores interessados, nas demais etapas da pesquisa em Epidemiologia Genética, a consulta de um importante documento denominado de “*The Human Obesity Gene Map*”. Desde 1996 que a equipe do *Human Genomics Laboratory* do *Pennington Biomedical Research Center*, liderada pelo Prof. Claude Bouchard, publica anualmente os “*Updates*” desse documento na revista *Obesity*. Estes relatórios apresentam “o estado da arte” das evidências científicas acerca dos mecanismos genéticos envolvidos nos diferentes fenótipos marcadores da CC. O último “*Update*” disponível é o de 2005²⁴.

Realizaremos a seguir uma breve abordagem acerca dos métodos indiretos e duplamente indiretos que foram utilizados na análise da CC nos estudos selecionados para esta revisão. Excelentes revisões sobre as técnicas abaixo citadas (e outras) podem ser encontradas em Heyward², Mattsson e Thomas²⁵ e Monteiro e Filho²⁶.

Métodos de análise indireta da composição corporal

Aceita-se, genericamente, a divisão dos métodos de análise da CC em três planos – direto (análise química de cadáveres), indireto e duplamente indiretos, embora um dos documentos mais relevantes na matéria proponha um paradigma de pesquisa em cinco planos²⁷. As técnicas indiretas são de alto grau de precisão e geralmente utilizadas para a validação de técnicas duplamente indiretas. Possuem, contudo, limitações em termos práticos devido ao alto custo e por serem, essencialmente, técnicas laboratoriais que recorrem a instrumentos altamente sofisticados. Todas as técnicas indiretas estão sujeitas a erros de medida, embora sejam reduzidos. Possuem pressupostos básicos que nem sempre asseguram sua precisão, ou seja, é difícil atribuir a uma delas a classificação de “*gold standard*” na avaliação da CC *in vivo*². Vejamos as técnicas mais importantes cuja informação foi utilizada na abordagem dos resultados nos estudos de AgF.

Densitometria computadorizada por absorciometria radiológica de dupla energia (DEXA)

A DEXA é uma técnica sofisticada com tecnologia relativamente recente e tornou-se um método de referência para pesquisa da CC². Trata-se de um

procedimento de imagem de alta tecnologia que permite a quantificação da gordura, do músculo e do conteúdo mineral ósseo^{28,29}. Esse método baseia-se no modelo de que o organismo é formado por três compartimentos: gordura, mineral ósseo e tecido magro não ósseo^{2,6}. É uma técnica altamente confiável e fornece resultados precisos além da possibilidade de análises segmentares da CC^{2,28}. Devido a sua precisão a DEXA está sendo utilizado frequentemente na avaliação da CC de crianças²⁸.

Pesagem hidrostática (PH)

Durante anos esta técnica foi considerada, pelos especialistas, como o “*gold standard*” na análise da CC devido ao reduzido erro na mensuração da densidade corporal². É a técnica mais utilizada em estudos de validação de técnicas duplamente indiretas^{2,30}. Todavia, alguns pesquisadores têm criticado sua validade³⁰. A PH considera que o corpo é formado por dois componentes: gordura e MLG³⁰. A densidade corporal é então determinada pela relação do peso no ar e na água. Contudo, a quantidade de gás no trato gastrointestinal, o volume residual e a densidade da água necessitam ser controlados devido ao fato de influenciarem os valores da densidade corporal².

Tomografia computadorizada (TC)

A aplicação da TC representa um avanço importante em estudos da CC. Foi uma das técnicas que contribuiu significativamente para o conhecimento da complexa interação entre a CC e várias doenças²⁵. A TC é geralmente escolhida para a validação das técnicas de campo como por exemplo a BIA. É também uma das poucas metodologias disponíveis para a medida detalhada em tecidos e órgãos internos como o tecido ósseo e o músculo-esquelético^{25,26}. Sua utilização para a análise da CC está crescendo muito rapidamente e junto com a ressonância magnética, é considerada a técnica mais precisa para quantificar a gordura total ou regional e o tecido músculo-esquelético *in vivo*²⁵.

Métodos de análise duplamente indiretos da composição corporal

De acordo com Monteiro e Filho²⁶ os métodos duplamente indiretos para a análise da CC são menos rigorosos. Entretanto, possuem uma melhor aplicabilidade prática devido ao seu menor custo. Esta característica permite sua aplicação em larga escala tanto no ambiente clínico como em pesquisas de campo.

Impedância bioelétrica (BIA)

A BIA é uma das técnicas mais comuns aplicadas às medidas da CC por não ser invasiva², ser portátil, relativamente barato e não requerer treinamento específico do avaliador^{2,25}. Contudo, reclama cuidados pré teste por parte do avaliado que, uma vez não adotados, influenciam os resultados obtidos². Em resumo, este método baseia-se na condução de uma corrente elétrica de baixa intensidade aplicada ao organismo²⁶. A impedância (resistência ao fluxo da corrente elétrica) é mensurada

pelo analisador de impedância bioelétrica^{2,25,26}. Devido ao fato da massa magra ser um bom condutor de energia, por sua grande concentração de água e eletrólitos (e a gordura apresentar um comportamento contrário), um indivíduo com maior proporção de massa magra apresentará uma menor resistência à corrente elétrica, ou um menor valor de impedância^{2,26}. Então pode-se considerar que a impedância é diretamente proporcional ao percentual de gordura (%G)²⁶.

Mensuração de dobras cutâneas (DC)

A medida da espessura das DC é utilizada para avaliar a densidade corporal e em consequência o %G²⁵. As DC são uma medida indireta do tecido adiposo subcutâneo em locais específicos. A exatidão e precisão de suas medidas dependem da experiência do avaliador, do tipo de adipômetro utilizado e do indivíduo a ser avaliado. Mesmo avaliadores experientes têm dificuldade na medição da espessura das DC de indivíduos obesos². De uma maneira geral as espessuras de DC em locais específicos apresentam uma razoável correlação com o %G. Assim, devido à sua simplicidade e baixo custo é a técnica mais utilizada para tal finalidade^{25,26}. O somatório de DC ($\sum DC$) representa uma boa estimativa da quantidade total de GSubc^{12,31} que dispensa a utilização de equações de regressão. A relação entre as DC do tronco e membros (RTM) é um índice geralmente utilizado para determinar a adiposidade central¹². Ela pode ser expressa pela seguinte equação: $RTM = \sum DC \text{ tronco} / \sum DC \text{ membros}$. Valores maiores que um, indicam maior acúmulo de gordura no tronco comparado aos membros. De acordo com Rice et al.¹² alguns pesquisadores criticaram sua utilização para determinar a distribuição da GC. Entretanto, até o recente advento de técnicas avançadas como a TC, esse era um dos únicos índices de adiposidade central que se pensava melhor estar correlacionado com as desordens metabólicas.

Cada técnica apresenta suas particularidades na avaliação da CC. Assim, diferentes fenótipos podem ser obtidos em cada uma delas (Tabela 1).

Tabela 1. Fenótipos obtidos de acordo com a técnica de avaliação da composição corporal.

Técnica	Fenótipos
DEXA	GC, GT, %G, MLG, MLGM
PH	%G, MLG
TC	GC, GV
BIA	GC, %G, MLG
DC	GT, GM, GSubc, $\sum DC$, RTM

DEXA: densitometria computadorizada por absorciometria radiológica de dupla energia, **GC:** gordura corporal, **GT:** gordura no tronco, **%G:** percentual de gordura, **MLG:** massa livre de gordura, **MLGM:** massa livre de gordura nos membros, **PH:** pesagem hidrostática, **TC:** tomografia computadorizada, **GV:** gordura visceral, **BIA:** impedância bioelétrica, **DC:** dobras cutâneas, **GM:** gordura nos membros, **GSubc:** gordura subcutânea, **$\sum DC$:** somatório de dobras cutâneas, **RTM:** relação entre as DC do tronco e membros.

Estudos de agregação familiar com base nas estimativas de heritabilidade

Diversos estudos, realizados em famílias, procuraram verificar a presença indireta de transmissão vertical de fatores genéticos entre progenitores e descendentes nos diferentes fenótipos da CC. Algumas pesquisas centraram seus esforços com auxílio de técnicas indiretas como a DEXA^{5,6,17,28}, a PH^{32,33} e a TC³⁴⁻³⁶ (Tabela 2) e também com técnicas duplamente indiretas como a BIA^{3,37-40} e as DC^{4,11,12,31,32} (Tabela 3).

De uma maneira geral, os resultados são consistentes ao referirem que uma parte moderada a elevada da variação populacional dos fenótipos da CC, são condicionados por fatores genéticos, verificando assim uma importante presença de AgF. Contudo, como é o caso do %G, algumas características tendem a apresentar uma maior componente genética do que outras. Em 17 dos 18 estudos revisados, os fenótipos variaram na sua magnitude de estimativa de h^2 entre 0,30³¹ a 0,76³³. Apenas no estudo de Rice et al.¹² o $\Sigma 6DC$ apresentou uma estimativa inicial de $h^2=0,16$ (primeiro momento), alterando para zero após 12 anos (segundo momento). Devido a baixa estimativa de h^2 encontrada no primeiro momento, poderíamos inferir que esse fenótipo seria fortemente influenciado por fatores ambientais. Fato esse que se confirmou no segundo momento da avaliação. O resumo da variabilidade nas estimativas de h^2 em cada fenótipo é apresentado na Tabela 4.

Entre os estudos revisados, observa-se uma ampla variabilidade nas estimativas de h^2 inter e intra fenótipos. É importante salientar que além das diferenças nas técnicas utilizadas, a discrepância observada pode ser devida a alguns aspectos, como por exemplo: (1) a magnitude da amostra, (2) aspectos étnicos e culturais inerentes a cada população e (3) o *design* de cada pesquisa.

Em relação à magnitude da amostra, verifica-se uma grande variação, tanto no número de indivíduos (303²⁸ – 2132³⁸) quanto no número de famílias nucleares (86^{32,34} – 521⁴) e *pedigrees* extensos (32³⁷ – 319^{5,17}). Em se tratando dos aspectos étnicos e culturais, é de relevada importância que o fato dos fenótipos da CC serem poligênicos, possam sofrer influências de um grande número de fatores que podem ainda apresentar mecanismos genéticos diferenciados nas populações. Esses aspectos podem condicionar a discrepância observada. No tocante ao *design* de cada pesquisa, é possível verificar que, de maneira geral, os estudos têm como objetivo nuclear verificar a importância do componente genético, em diferentes fenótipos relacionados a CC, em um determinado momento. Todavia, quatro estudos apresentaram metodologias distintas^{4,11,12,38}. Luke et al.³⁸ procuraram verificar as estimativas de h^2 dos fenótipos relacionados à obesidade em indivíduos negros de três diferentes países. Hunt et al.⁴ e Rice et al.¹² calcularam as estimativas de h^2 no ΣDC longitudinalmente em sete e 12 anos, respectivamente. De maneira original, Pérusse et al.¹¹ salientaram os efeitos aditivos dos genes na distribuição de gordura e ΣDC , pré e pós 20 semanas

de treinamento aeróbio.

De acordo com Hsu et al.⁶ e North et al.³⁷, devido aos motivos supracitados (magnitude da amostra, aspectos étnicos e culturais e o *design* de cada pesquisa), há uma certa complexidade na comparação direta das estimativas de h^2 entre estudos. Tal como mencionado anteriormente, a h^2 refere-se especificamente para o momento e amostra onde foi realizada a pesquisa, bem como para o fenótipo analisado¹⁸. É importante salientar também que devido ao fato dos efeitos genéticos e ambientais serem passíveis de variação com a idade, as estimativas de h^2 encontradas em estudos em famílias nucleares onde os descendentes são crianças e/ou adolescentes, não possam ser comparadas com estudos em adultos¹⁷. Luke et al.³⁸ ainda ressaltam que a maioria dos estudos de AgF relacionados a CC, geralmente foram realizados em países que têm um denominador comum, serem sociedades industrializadas. Daqui, a influência que os fatores ambientais (baixos níveis de atividade física e elevada disponibilidade de alimentos muito ricos em caloria, por exemplo) podem ter nas estimativas de h^2 dos fenótipos relacionados a quantidade de GC; provavelmente seriam diferentes, quando comparados com resultados provenientes de sociedades rurais.

O único estudo conhecido em que os autores procuraram verificar as estimativas de h^2 , envolvendo a prática de exercício físico é o de Pérusse et al.¹¹, que recorreram a uma amostra de 99 famílias nucleares caucasianas do “*The HERITAGE Family Study*” (*HEalth, Risk factors, exercise Training And GEnetics*). Basicamente, esse projeto tem como objetivo principal avaliar o papel dos fatores genéticos e ambientais sob resposta ao treinamento aeróbio no sistema cardiovascular, metabólico e hormonal. Cinco instituições foram envolvidas na realização desse estudo que foi iniciado em 1992 com apoio do *National Heart, Lung and Blood Institute*. A amostra total foi constituída por 742 indivíduos sedentários saudáveis (483 caucasianos e 259 negros) dos 17 aos 65 anos de idade provenientes de 228 famílias nucleares (101 caucasianas e 127 negras) que foram avaliadas pré e pós um programa de intervenção com exercícios físicos, que constituiu em 20 semanas de treinamento aeróbio supervisionado. Algumas das variáveis avaliadas foram a CC, a pressão arterial, os lipídios sanguíneos, o consumo de alimentos, o hábito de fumar, o nível de atividade física habitual e outros hábitos do estilo de vida. Os indivíduos realizaram o protocolo de treinamento três vezes por semana durante 20 semanas em cicloergômetro, respeitando uma progressão estandarizada. Nas primeiras sessões os indivíduos se exercitaram durante 30 minutos com uma frequência cardíaca correspondente a 55% do consumo máximo de oxigênio (VO_2 max) do período pré treinamento. A duração e a intensidade do programa foram ajustadas progressivamente a cada duas semanas, até alcançar 50 minutos a 75% do VO_2 max, sendo mantida durante as últimas seis semanas de treinamento. Os resultados mostraram que no início do estudo, todos os fenótipos apresentaram estimativas

Tabela 2. Metodologia e resultados de estimativas de heritabilidade (\pm erro padrão) dos estudos realizados com métodos indiretos de avaliação da composição corporal.

Autor, Ano e País	Propósito	Amostra	Fenótipo / h^2
Densitometria computadorizada por absorciometria radiológica de dupla energia (DEXA)			
Butte et al. ⁵ EUA	Estimar a h^2 dos FatR para obesidade e doenças metabólicas	631 pais e 1030 filhos (510♂ e 520♀ de 4-19 anos) pertencentes a 319 <i>pedigrees</i> extensos participantes do <i>Viva La Família Study</i>	MLG $h^2=0,40\pm0,08$ GC $h^2=0,33\pm0,07$ GT $h^2=0,31\pm0,08$
Butte et al. ¹⁷ EUA	Estimar a h^2 dos componentes da SM	600 pais e 1030 filhos (4-19 anos) pertencentes a 319 <i>pedigrees</i> extensos de participantes do <i>Viva La Família Study</i>	GC $h^2=0,33\pm0,07$ GT $h^2=0,31\pm0,08$
Hsu et al. ⁶ EUA	Estimar a h^2 dos fenótipos da CC	554 indivíduos adultos pertencentes a 244 famílias nucleares participantes do <i>Diabetes Heart Study</i> . 262♂ (61,8 \pm 8,6 anos) e 292♀ (61,9 \pm 8,8 anos)	MLG $h^2=0,63\pm0,11$ %G $h^2=0,64\pm0,11$ GC $h^2=0,72\pm0,10$ GT $h^2=0,64\pm0,11$ MLGM $h^2=0,67\pm0,11$
Treuth et al. ²⁸ EUA	Estimar a h^2 dos fenótipos da CC em meninas pré-pubescentes	303 indivíduos pertencentes a 101 famílias nucleares. Pais: 101♂ (39,8 \pm 5,8 anos) e 101♀ (38 \pm 4,6 anos). Filhos: 101♀ (8,5 \pm 0,4 anos)	%G $h^2=0,50\pm0,12$
Pesagem hidrostática (PH)			
Rice et al. ³² EUA	Estimar a h^2 do %G, MLG e Σ 8DC	86 famílias nucleares participantes do <i>The HERITAGE Family Study</i>	MLG $h^2=0,65$ %G $h^2=0,62$
Sakul et al. ³³ EUA	Estimar a h^2 da obesidade e fenótipos da DM	509 indivíduos pertencentes a 153 <i>pedigrees</i> extensos	%G $h^2=0,76\pm0,02$
Tomografia computadorizada (TC)			
Hong et al. ³⁶ EUA	Estimar a h^2 da GV e resistência à insulina	512 indivíduos pertencentes a 98 famílias nucleares do <i>The HERITAGE Family Study</i>	GV $h^2=0,50$
Rice et al. ³⁴ EUA	Estimar a h^2 da GC e GV	437 indivíduos pertencentes a 86 famílias nucleares participantes do <i>The HERITAGE Family Study</i> Pais: 86♂ (52,9 \pm 5,2 anos) e 85♀ (51,7 \pm 5,2 anos) Filhos: 128♂ (24,7 \pm 5,9 anos) e 138♀ (24,3 \pm 5,9 anos)	GC $h^2=0,55$ GV $h^2=0,48$
Pérusse et al. ³⁵ Canadá	Estimar a h^2 da GV e GSubc	366 indivíduos pertencentes a 100 famílias nucleares participantes do <i>Québec Family Study</i> . Pais: 93♂ (55,5 \pm 6,4 anos) e 104♀ (53,3 \pm 6,2 anos) Filhos: 85♂ (25,6 \pm 4,7 anos) e 84♀ (25,5 \pm 4,8 anos)	GV $h^2=0,56$ GSubc $h^2=0,42$

FatR: fatores de risco, ♂: sexo masculino, ♀: sexo feminino, **SM:** síndrome metabólica, **DM:** diabetes mellitus, **DCV:** doenças cardiovasculares, **IMC:** índice de massa corporal. As demais abreviaturas podem ser visualizadas na Tabela 1.

baixas e moderadas de h^2 (Σ DC $h^2=0,31$, GT $h^2=0,36$, GM $h^2=0,34$ e RTM $h^2=0,50$). Observando os valores, poderíamos inferir uma forte responsabilidade dos fatores ambientais, o que poderia explicar uma parte substancial da variabilidade desses fenótipos. Como era de se esperar, com o efeito induzido pelo treinamento, todas as estimativas de h^2 reduziram, sendo a maior diferença verificada no padrão de adiposidade no tronco (Σ DC $h^2=0,15$, GT $h^2=0,21$, GM $h^2=0,15$ e RTM $h^2=0,14$),

confirmando assim a nossa suspeita. Estes resultados são interessantes pois evidenciam que alguns fenótipos são mais susceptíveis a influências ambientais do que outros. Dessa maneira, poderíamos inferir também, que o nível de aptidão física dos indivíduos é uma variável ambiental e/ou genética que influencia as estimativas de h^2 na população.

Tabela 3. Metodologia e resultados de estimativas de heritabilidade (\pm erro padrão) dos estudos realizados com métodos duplamente indiretos de avaliação da composição corporal.

Autor, Ano e País	Propósito	Amostra	Fenótipo / h^2
Análise de impedância bioelétrica (BIA)			
Bayoumi et al. ⁴⁰ Oman	Estimar a h^2 dos componentes da SM	1198 indivíduos participantes do <i>Oman Family Study</i> 536♂ (33,0 \pm 17,0 anos) 662♀ (34,5 \pm 15,5 anos)	%G $h^2=0,53\pm0,06$
Mills et al. ³⁹ Inglaterra	Estimar a h^2 dos componentes da SM	811 indivíduos adultos pertencentes a 278 famílias nucleares	%G $h^2=0,57\pm0,10$
Wu et al. ³ Taiwan	Estimar a h^2 dos fenótipos relacionados a obesidade	1724 indivíduos pertencentes a 431 famílias nucleares. País: 431♂ (58,2 \pm 8,5 anos) e 431♀ (55,3 \pm 8,5 anos). Filhos: 431♂ (30,1 \pm 8,2 anos) e 431♀ (28,5 \pm 7,2 anos)	GC $h^2=0,35\pm0,04$
North et al. ³⁷ EUA	Estimar a h^2 dos FatR das DCV	950 indivíduos adultos pertencentes a 32 <i>pedigrees</i> extensos participantes do <i>The Strong Heart Family Study</i>	MLG $h^2=0,53\pm0,07$ GC $h^2=0,52\pm0,06$
Luke et al. ³⁸ Nigéria Jamaica EUA	Estimar a h^2 dos fenótipos relacionados a obesidade	4623 indivíduos negros pertencentes a famílias nucleares de três diferentes países (Nigéria n=1868, Jamaica n=623 e EUA n=2132)	Nigéria MLG $h^2=0,57\pm0,08$ %G $h^2=0,56\pm0,07$ GC $h^2=0,48\pm0,08$
			Jamaica MLG $h^2=0,72\pm0,08$ %G $h^2=0,47\pm0,10$ GC $h^2=0,54\pm0,10$
			EUA MLG $h^2=0,49\pm0,05$ %G $h^2=0,58\pm0,05$ GC $h^2=0,57\pm0,05$
Mensuração de dobras cutâneas (DC)			
Hunt et al. ⁴ Canadá	Estimar a h^2 dos fenótipos relacionados a adiposidade longitudinalmente em sete anos	1315 indivíduos pertencentes a 521 famílias nucleares. País: 416♂ (39,5 \pm 10,6 anos) e 457♀ (37,5 \pm 10,1 anos) Filhos: 244♂ (12,4 \pm 4,2 anos) e 198♀ (11,8 \pm 4,3 anos)	1º momento Σ DC $h^2=0,41\pm0,06$ 2º momento Σ DC $h^2=0,12\pm0,09$
Katzmarzyk et al. ³¹ Canadá	Estimar a h^2 de indicadores antropométricos, gordura e sua distribuição	327 indivíduos (5-75 anos de idade) pertencentes a 102 famílias nucleares	Σ 6DC $h^2=0,54$ RTM $h^2=0,30$
Pérusse et al. ¹¹ EUA	Estimar a h^2 do Σ DC e distribuição de gordura pré e pós 20 semanas de treinamento aeróbico	483 indivíduos pertencentes a 99 famílias nucleares participantes do <i>The HERITAGE Family Study</i> País: 93♂ (53,6 \pm 5,3 anos) e 91♀ (52,1 \pm 5,1 anos) Filhos: 140♂ (25,4 \pm 6,1 anos) e 159♀ (25,5 \pm 6,4 anos)	pré Σ 8DC $h^2=0,31$ GT $h^2=0,36$ GM $h^2=0,34$ RTM $h^2=0,50$
			pós Σ 8DC $h^2=0,15$ GT $h^2=0,21$ GM $h^2=0,15$ RTM $h^2=0,14$
Rice et al. ¹² Canadá	Estimar a h^2 do IMC, Σ DC e distribuição de gordura longitudinalmente em 12 anos	412 indivíduos pertencentes a 105 famílias nucleares participantes do <i>Longitudinal Québec Family Study</i> . País: 102♂ (43,6 \pm 5 anos) e 103♀ (41,1 \pm 4,4 anos). Filhos: 104♂ (19,4 \pm 11,1 anos) e 103♀ (19,3 \pm 10,8 anos)	1º momento Σ 6DC $h^2=0,16$ RTM $h^2=0,42$
Rice et al. ³² EUA	Estimar a h^2 do %G, MLG e Σ 8DC	86 famílias nucleares participantes do <i>The HERITAGE Family Study</i>	2º momento Σ 6DC $h^2=0$ RTM $h^2=0,40$
			Σ 8DC $h^2=0,34$

As abreviaturas podem ser visualizadas nas Tabelas 1 e 2.

Tabela 4. Variabilidade nas estimativas de heritabilidade nos fenótipos da composição corporal independente da técnica utilizada.

Fenótipo	Estimativas de h^2 / referência
GC	0,33 ^{5,17} – 0,72 ⁶
%G	0,47 ³⁸ – 0,76 ³³
GT	0,31 ^{5,17} – 0,64 ⁶
GM	0,34 ¹¹
GV	0,48 ³⁴ – 0,56 ³⁵
Σ DC	0,16 ¹² – 0,54 ³¹
RTM	0,30 ³¹ – 0,50 ¹¹
GSubc	0,42 ³⁵
MLG	0,40 ⁵ – 0,72 ³⁸
MLGM	0,67 ⁶

As abreviaturas podem ser visualizadas na Tabela 1.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

De acordo com as evidências disponíveis na literatura, conclui-se que os fenótipos da CC são de natureza multifatorial, sendo que, em alguns casos, os fatores ambientais familiares ou aleatórios do envolvimento físico possuem uma forte contribuição na manifestação final das características. Os estudos que apresentaram metodologias de acordo com os critérios de inclusão para esta revisão, foram basicamente realizados na população americana e canadense. Verifica-se que no espaço Lusófono, os estudos sobre essa problemática são escassos ou inexistentes. Com base nas informações dessas amostras verificou-se que, na variação total, os fatores genéticos explicam entre 30 a 76% dos diferentes fenótipos da CC. Ainda que existam fortes evidências suportando a afirmação de que o ambiente comumente partilhado pela família, ou do envolvimento físico e social, possuem uma importante influência na manifestação final dos fenótipos relacionados a quantidade e distribuição de GC, está distante de ser esclarecida a sua base genética e interações com diversos fatores ambientais originadores da variação populacional e individual. São necessários estudos prospectivos com o objetivo de avaliar, não só os efeitos de programas de intervenção com exercícios aeróbios, mas também, os efeitos que o treinamento de força, controle nutricional e outras variáveis do estilo de vida possam exercer na CC a fim de melhor compreendermos a importância relativa do ambiente na manutenção e/ou melhora de uma CC adequada que influencia diretamente o estado de saúde dos indivíduos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. ACSM. Diretrizes do ACSM para os testes de esforço e sua prescrição. 6ª ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan; 2003.
2. Heyward V. ASEP methods recommendation: body composition assesment. *J Exerc Physiol* 2001;4(4):1-12.
3. Wu DM, Hong Y, Sun CA, Sung PK, Rao DC, Chu NF.

Familial resemblance of adiposity-related parameters: results from a health check-up population in Taiwan. *Eur J Epidemiol* 2003;18(3):221-226.

4. 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):507-517.
5. 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):646-654.
6. 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):312-319.
7. Ogden CL, Carroll MD, Curtin LR, McDowell MA, Tabak CJ, Flegal KM. Prevalence of overweight and obesity in the United States, 1999-2004. *Jama* 2006;295(13):1549-1555.
8. Flegal KM, Graubard BI, Williamson DF, Gail MH. Excess deaths associated with underweight, overweight, and obesity. *Jama* 2005;293(15):1861-1867.
9. AHA. Heart Disease and Stroke Statistics - 2007 Update. A Report From the American Heart Association Statistics Committee and Stroke Statistics Subcommittee. *Circulation* 2007;115:1-101.
10. Maia JAR, Garganta R, Seabra A, Lopes VP. Heterogeneidade nos níveis de actividade física de crianças dos 6 aos 12 anos de idade. Um estudo em gémeos. *Rev Port Cien Desp* 2004;4(1):39-50.
11. 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):140-150.
12. 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):316-334.
13. Burton PR, Tobin MD, Hopper JL. Key concepts in genetic epidemiology. *Lancet* 2005;366(9489):941-951.
14. Maia JAR, Loss R, Beunen G, Thomis M, Vlietinck R, Morais FSP, et al. Aspectos genéticos da prática desportiva: Um estudo em gémeos. *Rev Paul Educ Fis* 1999;13(2):160-176.
15. Campos MA, Maia JAR, Seabra A, Silva RG, Lopes VP, Freitas DL. Actividade física e componentes da síndrome metabólica. Um estudo em famílias açorianas. Porto: Direcção Regional do Desporto da Região Autónoma dos Açores e FADE-UP; 2007.
16. Rice TK, Borecki IB. Familial resemblance and heritability. *Adv Genet* 2001;42:35-44.
17. 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):1243-1248.
18. Lopes VP. Análise dos efeitos de dois programas distintos de Educação Física na expressão da aptidão física, coordenação e habilidades motoras em crianças do ensino primário [Tese de Doutorado - Programa de Pós-Graduação em Ciências do Desporto]. Porto: Faculdade de Desporto, Universidade do Porto; 1997.
19. Cruz Fernandes SCT, Maia JAR, Lopes VP, Seabra A, Silva RG. O código relacional na actividade física e aptidão física associada à saúde. Efeitos genéticos e ambientais. FADE-UP, Câmara Municipal de Cantanhede ed. Porto; 2006.

20. Dahia P. Descobrimos genes do século XXI: Enfoque na área de onco-endocrinologia. *Arq Bras Endocrinol Metab* 2002;46(4):341-350.
21. Dawn Teare M, Barrett JH. Genetic linkage studies. *Lancet* 2005;366(9490):1036-1044.
22. Maia JAR. Genética e desporto. Um olhar breve em torno de um assunto desafiador. In: Constantino JM, organizador. *Em defesa do desporto. in press*. Lisboa; 2007.
23. Cordell HJ, Clayton DG. Genetic association studies. *Lancet* 2005;366(9491):1121-1131.
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):529-644.
25. Mattsson S, Thomas BJ. Development of methods for body composition studies. *Phys Med Biol* 2006;51(13):203-228.
26. Monteiro AB, Filho JF. Análise da composição corporal: uma revisão de métodos. *Rev Bras Cine Des Hum* 2002;4(1):80-92.
27. Heymsfield SB, Wang Z, Withers RT. Multicomponent molecular level models of body composition analysis. In: Roche AF, Heymsfield SB, Lohman TG, editors. *Human body composition*. Champaign; 1996 p. 129-147.
28. 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):529-533.
29. Mello MT, Dâmaso AR, Antunes HKM, Siqueira KO, Castro ML, Bertolino SV, et al. Avaliação da composição corporal em adolescentes obesos: o uso de dois diferentes métodos. *Rev Bras Med Esporte* 2005;11(5):267-270.
30. Rezende FA, Rosado LE, Priore SE, Franceschini SC. Aplicabilidade de equações na avaliação da composição corporal da população brasileira. *Rev Nutr* 2006;19(3):357-367.
31. 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.
32. 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):557-562.
33. Sakul H, Pratley R, Cardon L, Ravussin E, Mott D, Bogardus C. Familiality of physical and metabolic characteristics that predict the development of non-insulin-dependent diabetes mellitus in Pima Indians. *Am J Hum Genet* 1997;60(3):651-656.
34. Rice T, Despres JP, Daw EW, Gagnon J, Borecki IB, Perusse L, et al. Familial resemblance for abdominal visceral fat: the HERITAGE family study. *Int J Obes Relat Metab Disord* 1997;21(11):1024-1031.
35. Perusse L, Despres JP, Lemieux S, Rice T, Rao DC, Bouchard C. Familial aggregation of abdominal visceral fat level: results from the Quebec family study. *Metabolism* 1996;45(3):378-382.
36. Hong Y, Rice T, Gagnon J, Despres JP, Nadeau A, Perusse L, et al. Familial clustering of insulin and abdominal visceral fat: the HERITAGE Family Study. *J Clin Endocrinol Metab* 1998;83(12):4239-4245.
37. North KE, Howard BV, Welty TK, Best LG, Lee ET, Yeh JL, et al. Genetic and environmental contributions to cardiovascular disease risk in American Indians: the strong heart family study. *Am J Epidemiol* 2003;157(4):303-314.
38. Luke A, Guo X, Adeyemo AA, Wilks R, Forrester T, Lowe W, Jr., et al. Heritability of obesity-related traits among Nigerians, Jamaicans and US black people. *Int J Obes Relat Metab Disord* 2001;25(7):1034-1041.
39. Mills GW, Avery PJ, McCarthy MI, Hattersley AT, Levy JC, Hitman GA, et al. Heritability estimates for beta cell function and features of the insulin resistance syndrome in UK families with an increased susceptibility to type 2 diabetes. *Diabetologia* 2004;47(4):732-738.
40. Bayoumi RA, Al-Yahyaee SA, Albarwani SA, Rizvi SG, Al-Hadabi S, Al-Ubaidi FF, et al. Heritability of determinants of the metabolic syndrome among healthy Arabs of the Oman family study. *Obesity* 2007;15(3):551-556.

Agradecimentos

Trabalho financiado pela Fundação para a Ciência e Tecnologia (FCT) de Portugal com a referência POCI/DES/62499/2004.

Endereço para correspondência

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

Recebido em 20/04/07
Revisado em 09/05/07
Aprovado em 22/06/07