



## ASOCIACIÓN ESTADÍSTICA ENTRE MARCADORES GENÉTICOS Y ADICCIÓN A LA COMIDA: CONSIDERACIONES METODOLÓGICAS

Sr. Editor:

En la publicación de Küçükkasap Cömert y cols. (1) se analizó la asociación estadística de dos polimorfismos de nucleótido único (SNP) con la adicción a la comida (2) y con marcadores antioxidantes en mujeres jóvenes turcas. Estos dos SNP corresponden al alelo A del SNP rs2511521 localizado en DRD2 (OR = 3,1) y al alelo menor T del rs625413 localizado en TIRAP (OR = 2,5); ambos han sido estudiados anteriormente (2). En esta investigación no se encontró una asociación entre la adicción a la comida con los SNP estudiados, pero sí con las capacidades antioxidantes del suero y los niveles de zinc. Como conclusión, los autores recomiendan explorar otros marcadores dentro de estos genes, o bien aumentar el tamaño de la muestra.

En relación con la consideración de la propuesta de explorar nuevos marcadores, metodológicamente recomendamos considerar antes los siguientes aspectos:

1. *Análisis de resultados de investigaciones en otras poblaciones:* establecer los factores o variables que podrían explicar el porqué de las diferencias o similitudes en los resultados obtenidos, lo cual puede ayudar a modelar o mejorar la metodología de trabajo experimental. En este caso, por ejemplo, tenemos el estudio de Pedram y cols. (2), que se realizó en población canadiense de las provincias de Newfoundland y Labrador, en donde se encontró asociación entre ambos SNP y la adicción a la comida. La diferencia encontrada entre la población turca y la población canadiense se podría explicar por el hecho de que los distintos pueblos de Asia Central de habla túrquica tienen entre un 22 % y un 60 % de ascendencia de Asia Oriental

(3-5). Por lo tanto, es muy probable que las diferencias en los resultados entre poblaciones sean debidas a fenómenos explicados más allá de los genes analizados, como el efecto de otros genes (epistasia) y/o por el ambiente (epigenética) (6-8).

2. *Comparar los diseños metodológicos:* las diferencias entre los diseños metodológicos pueden influenciar en los resultados obtenidos. Mientras que en el trabajo de Pedram y cols. (2) se analizó la variable obesidad, en conjunto con la adicción a comida, en el trabajo de Küçükkasap Cömert y cols. (1) solo se estudió a individuos adictos y no adictos a la comida, sin incorporar la variable "obesidad", que pudo ser la causante de la asociación encontrada.

Para este caso, la asociación entre los dos SNP y la adicción a la comida podría ser evaluada usando un modelo integrativo, analizando el efecto conjunto de ambos sobre la adicción a la comida, y no solo por separado, como se realizó en el citado trabajo, considerando esta vez la variable "obesidad" dentro del estudio. En términos simples, se trata de comparar la adicción a la comida entre los cinco grupos de individuos definidos por el número de alelos de riesgo en los SNP rs2511521 y rs625413: desde cero hasta cuatro alelos de riesgo por individuo. Este enfoque se basa en el supuesto de que los dos marcadores podrían aportar de manera aditiva al fenotipo, algo que valdría la pena contrastar empíricamente antes de comenzar a explorar otros marcadores.

Sergio V. Flores<sup>1</sup>, Ángel Roco-Videla<sup>2</sup>, Nelson Maureira-Carsalade<sup>3</sup>, Mariela Olguin-Barraza<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Facultad de Ciencias de la Salud. Universidad Autónoma de Chile. Santiago, Chile. <sup>2</sup>Facultad de Medicina. Universidad Católica de la Santísima Concepción. Concepción, Chile. <sup>3</sup>Departamento de Ingeniería Civil. Facultad de Ingeniería. Universidad Católica de la Santísima Concepción. Concepción, Chile. <sup>4</sup>Facultad de Ciencias de Salud. Programa de Magister en Ciencias Químico-Biológicas. Universidad

Conflicto de intereses: los autores declaran no tener conflicto de interés.

©Copyright 2023 SENPE y ©Arán Ediciones S.L. Este es un artículo Open Access bajo la licencia CC BY-NC-SA (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/>).

[Nutr Hosp 2023;40(6):1306-1307]

*Bernardo O'Higgins. Santiago, Chile*

## BIBLIOGRAFÍA

---

1. Küçükcasap Cömert T, Muşlu Ö, Ağagündüz D. Associations among SNPs in two addictive genes, food addiction, and antioxidant markers in recreationally active young women. *Nutr Hosp* 2023;40(2):332-9. DOI: 10.20960/nh.04487
2. Pedram P, Zhai G, Gulliver W, Zhang H, Sun G. Two novel candidate genes identified in adults from the Newfoundland population with addictive tendencies towards food. *Appetite* 2017;115:71-9. DOI: 10.1016/j.appet.2017.01.004
3. Zhao J, Wurigemule W, Sun J, Xia Z, He G, Yang X, et al. Genetic substructure and admixture of Mongolians and Kazakhs inferred from genome-wide array genotyping. *Ann Hum Biol* 2020;47(7-8):620-8. DOI: 10.1080/03014460.2020.1837952
4. Damba LD, Balanovskaya EV, Zhabagin MK, Yusupov YM, Bogunov YV, Sabitov ZM, et al. Estimating the impact of the Mongol expansion upon the gene pool of Tuvans. *Vavilovskii Zhurnal Genet Seleksii* 2018;22(5):611-9. DOI: 10.18699/vj18.402
5. Zhabagin M, Sabitov Z, Tarlykov P, Tazhigulova I, Junissova Z, Yezhepov D, et al. The medieval Mongolian roots of Y-chromosomal lineages from South Kazakhstan. *BMC Genet* 2020;21(Suppl 1):87. DOI: 10.1186/s12863-020-00897-5
6. Domingo J, Baeza-Centurion P, Lehner B. The causes and consequences of genetic interactions (epistasis). *Annu Rev Genomics Hum Genet* 2019;20(1):433-60. DOI: 10.1146/annurev-genom-083118-014857
7. Verma M. Genome-wide association studies and epigenome-wide association studies go together in cancer control. *Future Oncol* 2016;12(13):1645-64. DOI: 10.2217/fon-2015-0035
8. Peterson RE, Kuchenbaecker K, Walters RK, Chen C-Y, Popejoy AB, Periyasamy S, et al. Genome-wide association studies in ancestrally diverse populations: opportunities, methods, pitfalls, and recommendations. *Cell* 2019;179(3):589-603. DOI: 10.1016/j.cell.2019.08.051