

Nutrición Hospitalaria



Genoma, microbioma y reacciones adversas a los alimentos

Genome, microbiome and adverse food reactions

10.20960/nh.03924

01/31/2022

Genoma, microbioma y reacciones adversas a los alimentos

Genome, microbiome and adverse food reactions

Sergio Flores¹, Ángel Roco Videla^{2,3} y Omar Silva González⁴

¹Dirección de Desarrollo y Postgrado. Universidad Autónoma de Chile. Santiago, Chile. ²Programa de Máster en Ciencias Químico-Biológicas. Facultad de Ciencias de Salud. Universidad Bernardo O'Higgins. Santiago, Chile. ³Departamento de Ingeniería Civil. Facultad de Ingeniería. Universidad Católica de la Santísima Concepción. Concepción, Chile. ⁴Facultad de Medicina Veterinaria y Agronomía. Universidad de las Américas. Santiago, Chile

Correspondencia: Sergio Flores
e-mail: sergiovladimirflores@gmail.com

Conflict of interest: the authors have no conflicts of interest to declare.

Sr. Editor:

En el artículo de Ruiz y cols. (1) se presenta una visión general sobre las reacciones adversas a los alimentos (RAA), centrándose en dos grupos: alergias e intolerancias alimentarias. El trabajo citado ofrece una buena sistematización de la información disponible, facilitando a los lectores la introducción al tema. El presente artículo tiene como finalidad complementar la visión de los autores, haciendo énfasis en los factores genéticos y microbiológicos.

En relación a los factores genéticos, es necesario considerar las frecuencias poblacionales de los alelos asociados a las RAA para poder comprender las dinámicas epidemiológicas. Este aspecto ha sido parcialmente abarcado en el artículo de Ruiz y cols. (2018) al analizar el caso de la intolerancia a la lactosa. Diversas bases de datos ofrecen vasta información sobre los genes y alelos asociados a las RAA, que pueden servir de referencia para el análisis de poblaciones específicas. A modo de ejemplo, en la tabla I se muestran las frecuencias alélicas de los alelos de riesgo para los SNP asociados a intolerancias alimentarias en cuatro poblaciones latinoamericanas y en España, según la base de datos 1000Genomes (1KG; www.internationalgenome.org) (2).

La mayor frecuencia del alelo del riesgo de intolerancia al gluten (IG), la lactosa (IL) y la histamina (IH) se encuentra en las poblaciones de México, Perú y España, respectivamente. Considerando que las poblaciones latinoamericanas se han estructurado en base a dos ancestrías principalmente, la europea y la nativa americana, y que esta última a su vez deriva de Asia, es posible realizar predicciones acerca de la incidencia de diversas RAA en función de las frecuencias de los alelos de riesgo. Por ejemplo, en las poblaciones con mayor componente nativo-americano existiría una alta frecuencia de IL (3), dada su baja frecuencia en Europa y su alta frecuencia en Asia. Al contrario, puede predecirse una baja incidencia de IH, dada la alta frecuencia de esta en Europa (Tabla I).

Un segundo componente a considerar en las RAA es el microbioma intestinal. Si bien el citado artículo menciona el papel de este en la determinación de la IL, es necesario extender su papel también a la IG, a otras RAA y a ciertas enfermedades autoinmunes (4). Un aspecto muy importante del microbioma intestinal humano es que puede interpretarse como un ecosistema en constante transformación y a la vez estructurado poblacionalmente: presenta diferencias entre poblaciones y se modifica durante la ontogenia, siendo la alimentación uno de los factores modificadores del mismo

(5). Así, los alimentos modifican al microbioma, que a su vez interviene en ciertas RAA.

La interacción entre factores genéticos y microbioma intestinal configuran un modelo complejo: personas con un mismo genotipo para la IL, por ejemplo, pueden presentar síntomas muy diferentes, debido a las características de microbioma intestinal (6). Este modelo podría extrapolarse a otras enfermedades alimentarias de base genética. Junto a estos dos componentes biológicos (genoma y microbioma), un tercer componente, la cultura alimentaria, debe integrarse para la comprensión y el tratamiento de las RAA (7).

BIBLIOGRAFÍA

1. Ruiz Sánchez JG, Palma Milla S, Pelegrina Cortés B, López Plaza B, Bermejo López LM, Gómez-Candela C. Una visión global de las reacciones adversas a alimentos: alergia e intolerancia alimentaria [A global vision of adverse reactions to foods: food allergy and food intolerance]. *Nutr Hosp* 2018;35(Spec No 4):102-8. DOI: 10.20960/nh.2134
2. Auton A, Abecasis GR, Altshuler DM, Durbin RM, Abecasis GR, et al. A global reference for human genetic variation. *Nature* 2015;526(7571):68-74. DOI: 10.1038/nature15393
3. Fernández CI, Flores SV. Lactase persistence and dairy intake in Mapuche and Mestizo populations from southern Chile. *Am J Phys Anthropol* 2014;155(3):482-7. DOI: 10.1002/ajpa.22594
4. Torun A, Hupalowska A, Trzonkowski P, Kierkus J, Pyrzynska B. Intestinal Microbiota in Common Chronic Inflammatory Disorders Affecting Children [Internet]. *Front Immunol* 2021;12:642166. DOI: 10.3389/fimmu.2021.642166
5. Singh RK, Chang H-W, Yan D, Lee KM, Ucmak D, Wong K, et al. Influence of diet on the gut microbiome and implications for human health. *J Transl Med* 2017;15(1):73. DOI: 10.1186/s12967-017-1175-y
6. Brandao Gois MF, Sinha T, Spreckels JE, Vich Vila A, Bolte LA, Weersma RK, et al. Role of the gut microbiome in mediating

- lactose intolerance symptoms. Gut 2021;gutjnl-2020-323911.
DOI: 10.1136/gutjnl-2020-323911
7. Sánchez J, Sánchez A. Epidemiologic studies about food allergy and food sensitization in tropical countries. Results and limitations. Allergol Immunopathol (Madr) 2019;47(4):401-8.
DOI: 10.1016/j.aller.2018.11.001
 8. van Heel DA, Franke L, Hunt KA, Gwilliam R, Zhernakova A, Inouye M, et al. A genome-wide association study for celiac disease identifies risk variants in the region harboring IL2 and IL21. Nat Genet 2007;39(7):827-9. DOI: 10.1038/ng2058
 9. Enattah NS, Sahi T, Savilahti E, Terwilliger JD, Peltonen L, Järvelä I. Identification of a variant associated with adult-type hypolactasia. Nat Genet 2002;30(2):233-7. DOI: 10.1038/ng826
 10. M
aintz L, Yu C, Rodríguez E, Baurecht H, Bieber T, Illig T, et al. Association of single nucleotide polymorphisms in the diamine oxidase gene with diamine oxidase serum activities. Allergy 2011;66(7):893-902. DOI: 10.1111/j.1398-9995.2011.02548.x

Tabla I. Frecuencia de alelos de riesgo para tres SNP asociados a intolerancia alimentaria

| Intolerancia | ref | SNP (gen) | Alelo de riesgo | Frecuencias poblacionales de alelos de riesgo | | | | |
|--------------|------|-----------------------|-----------------|-----------------------------------------------|---------------|---------------|----------------|----------------|
| | | | | CLM n = 94 | MXL n = 64 | PEL n = 85 | PUR n = 104 | IBS n = 107 |
| Gluten | (8) | rs2187668 (HLA-DQ) | T | 7,4 | 16,4 | 17,1 | 8,7 | 13,6 |
| Lactosa | (9) | rs4988235 (MCMC) | C | 69,1 | 75,8 | 89,4 | 79,3 | 54,2 |
| Histamina | (10) | rs2052129 (DAO) | T | 23,9 | 15,6 | 12,9 | 21,12 | 25,7 |

CLM: población colombiana de Medellín; MXL: población mexicana de Los Ángeles; PEL: población peruana de Lima; PUR: población puertorriqueña de Puerto Rico; IBS: población ibérica de España.