



## Carta al Director

### **POLIMORFISMO rs266729 DEL GEN ADIPOQ. ¿QUÉ ROL JUEGA LA ANCESTRALIDAD GENÉTICA EN LA DISTRIBUCIÓN DE SUS ALELOS?**

Sr. Editor:

Hemos leído la publicación de García-Robles y colaboradores, quienes nos plantean que la presencia del alelo G en el polimorfismo rs266729 del gen ADIPOQ (*Adiponectin, C1Q And Collagen Domain Containing*) constituye un factor de riesgo para la aparición del síndrome metabólico (SM) en la población mexicana. Según la información presente en dicho estudio, el homocigoto de riesgo GIG estaría presente en un 16,9 % de quienes presentan SM y solo en un 5,7 % de quienes no lo presentan (1). Otras investigaciones han asociado el alelo G de este polimorfismo con el desarrollo de diabetes de tipo 2 (DM2) (2) y diabetes gestacional (DG) (3,4). Un aspecto relevante sobre él es el hecho de que existiría un posible factor étnico asociado; así, por ejemplo, las poblaciones asiáticas y europea presentarían mayor riesgo de desarrollar DM2 que la estadounidense ante la presencia del alelo G en este polimorfismo (4).

Si utilizamos la información de la base de datos 1000 Genomas ([www.internationalgenome.org](http://www.internationalgenome.org)) y analizamos la distribución de los alelos del rs266729 en las 5 macropoblaciones principales (Tabla I), se observa que la población africana presenta diferencias significativas en relación con su distribución ( $p = 0,0001$ ), donde el homocigoto GIG representa solo un 1,21 %. Si se comparan solo las 4 poblaciones que conforman el grupo de América Latina, estas no presentan diferencias significativas ( $p = 0,0548$ ), aunque se observan algunas tendencias interesantes de analizar, como el hecho de que el homocigoto GIG estaría presente en un 12,50 % de la población mexicana (Tabla I), valor muy cercano al que se puede calcular a partir de los datos de la investigación de García-Robles y colaboradores,

que es de un 12,28 % (considerando el total de sujetos), lo que respaldaría sus hallazgos. Colombia y Puerto Rico, por su parte, presentan los porcentajes más bajos del homocigoto de riesgo GIG. Aquí es posible pensar que el factor étnico-africano podría ser una explicación ya que, a mediados del 1800, la población afrodescendiente en dichos países representaba entre un 40 y un 50 %, por lo que sería esperable ver su influencia genética en la población actual (5,6). La migración asiática en Perú y la europea en México podrían también explicar la mayor frecuencia del alelo de riesgo G en estos grupos. Estas diferencias nos hacen preguntar: ¿Qué pasará en poblaciones como la argentina, que tuvo una migración principalmente italiana, o la chilena, que tuvo una fuerte inmigración alemana en el sur del país y española en la zona centro norte en cuanto a la distribución de los alelos de riesgo de este polimorfismo? Por otro lado está la interrogante de cómo las poblaciones autóctonas pudieron influir en la distribución de los alelos del rs266729. El análisis de este polimorfismo es sin duda un área de estudio de interés que podría ayudar a entender las influencias de la ancestralidad genética dentro del desarrollo de la DM2, la DG y el SM en la población latinoamericana, y a la vez aportar información para el establecimiento de planes de salud más acordes a las características genéticas de la población.

Ángel Roco-Videla<sup>1</sup>, Marcela Caviedes-Olmos<sup>1</sup>, Nelson  
Maureira-Carsalade<sup>2</sup>, Mariela Olguin-Barraza<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Escuela de Enfermería. Facultad de Salud y Ciencias Sociales. Universidad de las Américas. Santiago, Chile. <sup>2</sup>Departamento de Ingeniería Civil. Facultad de Ingeniería. Universidad Católica de la Santísima Concepción. Concepción, Chile. <sup>3</sup>Programa de Magister en Ciencias Químico-Biológicas. Facultad de Ciencias de Salud. Universidad Bernardo O'Higgins. Santiago, Chile  
Universidad de las Américas. Santiago, Chile

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

©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(1):232-233]

**Tabla I.** Distribución de los alelos del polimorfismo rs266729 en cinco macropoblaciones y en las poblaciones del grupo de América Latina

| Macropoblación | N.º de sujetos | C C     | C G     | G G     | Valor p | Valor p† |
|----------------|----------------|---------|---------|---------|---------|----------|
| África         | 661            | 82,15 % | 16,64 % | 1,21 %  | 0,0001* | 0,2308   |
| América Latina | 347            | 57,64 % | 36,02 % | 6,34 %  |         |          |
| Europa         | 503            | 51,29 % | 41,15 % | 7,55 %  |         |          |
| Sur Asia       | 489            | 51,12 % | 40,90 % | 7,98 %  |         |          |
| Este Asiático  | 504            | 53,37 % | 38,10 % | 8,53 %  |         |          |
| Poblaciones‡   | N.º de sujetos | C C     | C G     | G G     | Valor p |          |
| Perú           | 85             | 49,41 % | 43,53 % | 7,06 %  | 0,0548  |          |
| México         | 64             | 51,56 % | 35,94 % | 12,50 % |         |          |
| Colombia       | 94             | 59,57 % | 36,17 % | 4,26 %  |         |          |
| Puerto Rico    | 104            | 66,35 % | 29,81 % | 3,85 %  |         |          |

\*Diferencia significativa,  $p < 0,05$ . †Valor p obtenido sin considerar África. ‡Poblaciones que conforman el grupo de América Latina.

## BIBLIOGRAFÍA

- García Robles MJ, Camarillo Alba J, Valenzuela Gurrula M de J, López JA, Ramírez-De Los Santos S. ADIPOQ gene polymorphism rs266729 (-11377 C>G) and metabolic syndrome risk in a Mexican population of western Mexico. *Nutr Hosp* 2021;38(1):67-72. DOI: 10.20960/nh.03204
- Sun P, Liu L, Chen J, Chen Y, Shi L, Imam MU, et al. The polymorphism of rs266729 in adiponectin gene and type 2 diabetes mellitus: A Meta-Analysis. *Medicine* 2017;96(47):e8745. DOI: 10.1097/MD.00000000000008745
- Beltcheva O, Boyadzhieva M, Angelova O, Mitev V, Kaneva R, Atanasova I. The rs266729 single-nucleotide polymorphism in the adiponectin gene shows association with gestational diabetes. *Arch Gynecol Obstet* 2014;289(4):743-8. DOI: 10.1007/s00404-013-3029-z
- Bai Y, Tang L, Li L, Li L. The roles of ADIPOQ rs266729 and MTNR1B rs10830963 polymorphisms in patients with gestational diabetes mellitus: A meta-analysis. *Gene* 2020;730(144302):144302. DOI: 10.1016/j.gene.2019.144302
- Calzada JLV. El crecimiento poblacional en Puerto Rico: 1493 al presente. *Revista de Ciencias Sociales* 1968;1:5-22.
- Freire G, Díaz-Bonilla C, Schwartz-Orellana S, Soler-López J, Carbonari F. Afrodescendientes en Latinoamérica: hacia un marco de inclusión. *Banco Mundial*; 2018. Disponible en: <https://openknowledge.worldbank.org/bitstream/handle/10986/30201/129298-7-8-2018-17-30-51-AfrodescendientesenLatinoamerica.pdf?sequence=5&isAllowed=y>