



<https://www.revclinesp.es>

## V-027 - INFLUENCIA DEL CONSUMO DE JAMÓN IBÉRICO Y DE NARANJAS EN LA METILACIÓN DE EPIGENOMA COMPLETO

J.J. Tamarit García<sup>1</sup>, J.V. Sorlí Guerola<sup>2</sup>, O. Coltell Simón<sup>3</sup>, E.C. Pascual Castelló<sup>2</sup>, I.M. Giménez Alba<sup>2</sup>, R. Fernández Carrión<sup>2</sup>, R. Barragán Arnal<sup>2</sup> y D. Corella Piquer<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Servicio de Medicina Interna. Consorcio Hospital General Universitario de Valencia. Valencia. <sup>2</sup>Dpto. Medicina Preventiva. Universidad de Valencia y CIBER obn (ISCIII). Valencia. <sup>3</sup>Dpto. de Lenguajes Informáticos y Sistemas. Universidad Jaume I. Castellón (Castellón).

### Resumen

**Objetivos:** La dieta es uno de los factores más relevantes en las enfermedades cardiometabólicas. Pero todavía no se conocen bien los mecanismos mediante los cuales los alimentos pueden ejercer sus efectos. Recientemente, se está concediendo gran importancia a los efectos epigenéticos. Nuestro objetivo fue conocer la influencia del consumo de naranjas y del consumo de jamón ibérico sobre la metilación a corto plazo de epigenoma completo.

**Métodos:** Se ha realizado un ensayo clínico aleatorizado y cruzado registrado en el portal ISRCTN registry (referencia ISRCTN17906849). Se administró a las mismas personas, en días diferentes, 70 g. de jamón ibérico 100% bellota y 500 g. de naranjas (*Citrus reticulata*, variedad Clementina), obteniéndose muestras biológicas basales y a las 4 horas de cada tratamiento (n = 32 sujetos). Se aisló el ADN de leucocitos, se midió la metilación de epigenoma completo utilizando el array beadchip Infinium EPIC (Illumina) de 8 participantes seleccionados apareados por sexo y edad (edad media:  $43,2 \pm 3,9$ ). Se realizaron análisis bioinformáticos con Partek Genomic Suite y Partek Pathway para enriquecimiento funcional.

**Resultados:** Tras analizar el consumo de naranjas y el de jamón ibérico, se detectan diferencias de metilación a las 4 h. de la ingesta ( $p = 1,0 \times 10^{-5}$  de varios genes para ambos consumos). El lugar de metilación más significativo para el consumo de naranjas se obtuvo en el gen E4F1 (multifunctional protein E4 transcription factor 1) ( $p = 1,4 \times 10^{-5}$ ) y para el consumo de jamón ibérico en el gen SLCO3A1 (solute carrier organic anion transporter family member 3A1) ( $p = 1,6 \times 10^{-6}$ ). En el análisis de enriquecimiento funcional del consumo de naranjas la ruta más significativa fue la “Chemokine signaling pathway” ( $p = 8,2 \times 10^{-4}$ ) y del consumo de jamón ibérico fue la “Neurotrophine signaling pathway” ( $p = 1,9 \times 10^{-5}$ ).

**Discusión:** Los ensayos clínicos a corto plazo realizados no dan suficiente evidencia epigenética, siendo necesarios más ensayos y a largo plazo.

**Conclusiones:** En este estudio piloto, constatamos cambios en la metilación de genes a corto plazo tras la ingesta de alimentos, variando en función del alimento consumido, existiendo diferencias entre consumo de naranjas y de jamón.

### Bibliografía

1. Jiantao et al. Whole blood DNA methylation signatures of diet are associated with cardiovascular disease risk factors and all-cause mortality. *Circ Genom Precis Med.* 2020 (in press).