Descubren cientos de regiones genómicas relacionadas con la presión arterial

Un equipo internacional de investigadores ha descubierto más de cien nuevas regiones del genoma humano (o loci), que parecen influir en la tensión arterial de una persona. Además, varios de ellos pueden ser relevantes para el metabolismo del hierro y un tipo de receptor celular conocido como receptores adrenérgicos.

El estudio, liderado por los Institutos Nacionales de la Salud estadounidenses (NIH) y el Instituto Nacional de Investigación del Genoma Humano (NHGRI) y publicado este martes en la revista Nature Genetics, es uno de los mayores estudios genómicos sobre la presión arterial realizados hasta la fecha, con datos de más de un millón de participantes.

Los resultados servirán para comprender mejor cómo se regula la presión arterial y encontrar posibles nuevas dianas farmacológicas.

«Nuestro estudio ayuda a explicar una proporción mucho mayor de las diferencias entre la presión arterial de dos personas de lo que se sabía hasta ahora», dice Jacob Keaton, científico del NHGRI y primer autor del estudio.

Además, «conocer el riesgo de una persona de desarrollar hipertensión podría conducir a tratamientos a medida, que tienen más probabilidades de ser eficaces», puntualiza.

Cuatro conjuntos de datos

Para comprender la genética de la presión arterial, el equipo combinó cuatro grandes conjuntos de datos procedentes de estudios de asociación de todo el genoma de la presión arterial y la hipertensión.

Tras analizar los datos, hallaron más de 2.000 loci genómicos relacionados con la presión arterial, incluidas 113 regiones nuevas.

Entre los loci genómicos recién descubiertos, varios residen en genes que desempeñan un papel en el metabolismo del hierro, lo que confirma estudios anteriores según los cuales los niveles elevados de hierro acumulado pueden contribuir a las enfermedades cardiovasculares.

El equipo también confirmó la asociación entre las variantes del gen ADRA1A y la presión arterial.

ADRA1A codifica un tipo de receptor celular, denominado receptor adrenérgico, que actualmente es diana de la medicación contra la tensión arterial, lo que sugiere que otras variantes genómicas descubiertas en el estudio también pueden tener el potencial de ser dianas farmacológicas para alterar la tensión arterial.

«Este estudio demuestra que estos grandes estudios de asociación de todo el genoma tienen relevancia clínica para encontrar nuevas dianas farmacológicas y son necesarios para descubrir más dianas farmacológicas a medida que avanzamos», defiende Keaton.

Riesgo poligénico

A partir de estos análisis, los investigadores pudieron calcular una puntuación de riesgo poligénico, que combina los efectos de todas las variantes genómicas para predecir la presión arterial y el riesgo de hipertensión.

Estas puntuaciones de riesgo poligénico pueden ser una herramienta útil en la medicina de precisión, pero se necesitan datos genómicos más diversos para que puedan aplicarse ampliamente en la atención sanitaria rutinaria.

Aunque los datos recopilados procedían en su mayoría de personas de ascendencia europea, los investigadores descubrieron que las puntuaciones de riesgo poligénico también eran aplicables a personas de ascendencia africana.

Casi la mitad de los adultos de Estados Unidos padecen presión arterial alta o hipertensión, una dolencia que suele ser hereditaria, lo que significa que, junto al estilo de vida (sendentarismo, tabaquismo o estrés) y la dieta, hay un componente genético en el desarrollo de esta afección.

Cuando la tensión arterial es demasiado alta de forma constante, puede dañar el corazón y los vasos sanguíneos del cuerpo y provocar cardiopatías, enfermedades renales, accidentes cerebrovasculares y otras afecciones.

Con información de 800Noticias