Revelan que la herencia genética influye en los efectos adversos que producen los fármacos

Un estudio internacional liderado por el Instituto de Biología Evolutiva (IBE) español ha revelado que la variación genética entre poblaciones humanas influye en el riesgo de sufrir los efectos adversos que producen los fármacos.

En concreto, los investigadores han concluido que las poblaciones con ascendencia genética americana y europea tienen más riesgo de sufrir la toxicidad y efectos adversos de los medicamentos que las oceánicas y asiáticas.

Para llegar a esta conclusión, los investigadores han analizado, mediante herramientas de inteligencia artificial que se sirven de algoritmos de aprendizaje automático, 1.136 variantes farmacogenéticas ligadas a la toxicidad de algunos grupos de fármacos en 3.714 individuos de todo el mundo.

A partir de técnicas de minería de textos, han agrupado estas variantes genéticas y las ha relacionado con la ascendencia genética de regiones geográficas en todo el mundo.

Europeos y americanos, más riesgo de sufrir la toxicidad de los fármacos
El equipo analizó la frecuencia de alelos (formas alternativas de un gen) implicados en la aparición de efectos adversos con seis grupos de fármacos distintos.

Los resultados indican que las poblaciones americanas y europeas tienen mayor riesgo de toxicidad con los fármacos cardiovasculares y antimicrobianos.

Las poblaciones americanas también muestran mayor riesgo en los medicamentos antidepresivos y analgésicos, mientras que para las europeas son más tóxicos los tratamientos inmunosupresores y los anticancerosos.

Por otra parte, las poblaciones oceánicas y asiáticas mostraron un menor riesgo en todos los grupos de fármacos, a excepción de algunos individuos de Asia central que presentan un riesgo elevado para los analgésicos.

«Muchos de los fármacos del estudio se han probado en individuos de ancestra europea antes de ser comercializados. Si hubiera un sesgo para esta estrategia, esperaríamos que los fármacos fueran más seguros en estas poblaciones que en otras, pero lo que vemos es lo contrario, por lo que podemos excluir un sesgo médico como motivo de estos resultados», según el investigador principal del grupo de Algoritmos para la genómica de poblaciones del IBE, Óscar Lao.

«Todo apunta a que las distintas frecuencias entre poblaciones de estas variantes genéticas pueden tener una explicación evolutiva», añadió Lao.

El estudio resalta que los resultados «podrían tener un fuerte impacto en el ámbito de la farmacogenómica, que es un campo de la medicina creciente, en el que se estudian los efectos de los medicamentos según la genética de los individuos y con aplicaciones en el campo de la medicina personalizada».

«El hecho de que observemos diferencias entre poblaciones sugiere que sería interesante incluir la ancestría genética del individuo a la hora de realizar tratamientos más personalizados», indicó Lao.

Como hipótesis de trabajo futuro, el estudio apunta a que podrían desarrollarse pruebas genéticas sencillas que, combinadas con la inteligencia artificial, permitieran identificar a los pacientes vulnerables a efectos secundarios graves de algunos medicamentos.

En última instancia, también podría plantearse incluir un perfil farmacogenético y de ancestros de cada paciente, como parte del historial clínico.

El Instituto de Biología Evolutiva (IBE) es un centro mixto que pertenece al Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) y a la Universitat Pompeu Fabra (UPF) de Barcelona.

Unión Radio