

La herencia genética influye en los efectos adversos de los medicamentos

Un equipo internacional, liderado por el Instituto de Biología Evolutiva de Barcelona, ha descubierto que las poblaciones con ascendencia genética americana y europea tienen mayor riesgo de sufrir la toxicidad de una amplia variedad de fármacos.

SINC

9/10/2024 11:00 CEST



Según el estudio, las poblaciones americanas muestran mayor riesgo de efectos secundarios frente a los antidepresivos y los analgésicos, en tanto que para las europeas son más tóxicos los inmunosupresores y los anticancerosos. Pixabay

A pesar de todo, los **sapiens** compartimos más del 99,9 % de nuestro genoma, cada individuo es único. Nuestras **diferencias genéticas** se reflejan de muchas formas: desde el color de los ojos o el cabello, hasta la predisposición a padecer enfermedades o cómo reaccionamos a los fármacos que consumimos. Por ejemplo, personas con deficiencia del gen G6PD pueden sufrir fatiga o dolores abdominales, entre otros si toman aspirina. De hecho, las reacciones adversas a los medicamentos son una de las principales causas de enfermedad y mortalidad en todo el mundo (entre la cuarta y sexta causa de muerte más común). Aunque

la genética puede influir en la seguridad y eficacia de los tratamientos con fármacos, en muchas ocasiones **esta información no se tiene en cuenta** a la hora de prescribir medicamentos.

Ahora un estudio liderado por el Instituto de Biología Evolutiva (IBE), un centro mixto del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) y la Universidad Pompeu Fabra (UPF), ha revelado en la revista *iScience* de *Cell Press* datos clave sobre la influencia de la herencia genética en la toxicidad de los fármacos.

Estrategias de medicina personalizada

Los resultados indican que las poblaciones de ascendencia americana y europea tienen un mayor riesgo de sufrir esta toxicidad, mientras que los individuos con ascendencia del este de Asia, y en menor medida, las poblaciones oceánicas, muestran un riesgo más bajo. El estudio apunta al potencial de la información genética de individuos y poblaciones como un recurso clave en el diseño de estrategias de medicina personalizada.

Para llevar a cabo su análisis, el equipo ha estudiado los genes con funciones clave para la absorción y transporte de los fármacos en el cuerpo. En particular, han utilizado herramientas de inteligencia artificial que se sirven de algoritmos de aprendizaje automático para realizar un análisis genómico a gran escala de 1.136 variantes farmacogenómicas en 3.714 individuos de los cinco continentes.

Mediante inteligencia artificial, el equipo ha analizado 1.136 variantes genéticas ligadas a la toxicidad de algunos grupos de fármacos en 3.714 individuos de todo el mundo

Mediante técnicas de *text mining* o minería de textos, el equipo de investigación ha agrupado estas variantes genéticas y las ha relacionado con la ascendencia genética de regiones geográficas en todo el mundo.

Los investigadores han desarrollado así una **nueva herramienta** que desvela el papel clave de la genética de poblaciones en el efecto de los fármacos.

"Con este estudio masivo, hemos podido observar con datos de escala global que las variantes genéticas entre individuos y entre las poblaciones mundiales pueden aumentar el riesgo de sufrir los efectos adversos de los fármacos" comenta **Òscar Lao**, investigador principal del grupo de Algoritmos para la genómica de poblaciones del IBE que ha liderado el estudio.

La investigación podría tener un fuerte impacto en el ámbito de la **farmacogenómica**: un campo creciente de la medicina, 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. Las poblaciones europeas y americanas, entre las más propensas a sufrir los efectos adversos de los fármacos.

Seis grupos de fármacos distintos

Los autores analizaron 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 antidepresivos y analgésicos, mientras que para las europeas son más tóxicos los inmunosupresores y los anticancerosos

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.

No hay sesgo

“Muchos de los fármacos del estudio se han probado en individuos de ascendencia europea antes de ser comercializados. Si hubiera un sesgo debido a 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. Todo apunta a que las distintas frecuencias entre poblaciones de estas variantes genéticas pueden tener una explicación evolutiva”, añade Lao.

La farmacogenética, en el corazón de la medicina personalizada

“ *El hecho de que observemos diferencias entre poblaciones por estas variantes sugiere que sería interesante incluir la ancestría genética del individuo a la hora de realizar tratamientos más personalizados* ”

Oscar Lao, investigador principal del grupo de Algoritmos (IBE)

El estudio señala a la farmacogenética como herramienta clave para la medicina personalizada: un paradigma donde los tratamientos se puedan realizar a medida de cada paciente. “El hecho de que observemos diferencias entre poblaciones por estas variantes sugiere que sería interesante incluir la ancestría genética del individuo a la hora de realizar tratamientos más personalizados”, indica Lao. En el futuro, 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, podría plantearse incluir un perfil farmacogenético y de ancestría de cada paciente, como parte de nuestro historial clínico.

“Nuestros resultados apuntan al potencial de la información genética en el ámbito de poblaciones humanas para personalizar sus tratamientos, potenciar sus beneficios y minimizar sus riesgos y efectos secundarios”,

apunta Lao

Derechos: **Creative Commons.**

TAGS

PASTILLAS | ASCENDENCIA | FÁRMACOS | MEDICAMENTOS |
EFECTOS SECUNDARIOS | GENÉTICA | GENES | HERENCIA GENÉTICA |

Creative Commons 4.0

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las condiciones de nuestra licencia](#)