

Identificación de genes asociados con Nefropatía diabética y su regulación inducida por miRNAs. Un análisis *in silico*.

José Eduardo Justo-Frausto ¹, Tania Valentina López-Pérez ², Alberto Hidalgo-Bravo ³, Rogelio Frank Jiménez-Ortega ³.

¹ Maestría en Ciencias del Deporte y Ejercicio. Universidad Estatal del Valle de Ecatepec (UNEVE). Ecatepec de Morelos 55210, Estado de México. México.

² Laboratorio de Genómica del Metabolismo Óseo. Instituto Nacional de Medicina Genómica (INMEGEN). Tlalpan 14610, Ciudad de México. México.

³ Servicio de Medicina Genómica. Instituto Nacional de Rehabilitación Luis Guillermo Ibarra Ibarra (INRLGII). Tlalpan 14389, Ciudad de México. México.

No. Registro: 392

Introducción

La nefropatía diabética (ND) es una patología del riñón derivada de una diabetes mal controlada que se caracteriza por la excreción patológica de albuminuria superior a 300mg/dL/24h. Actualmente, se sabe que los microRNAs (miRNAs) desempeñan un papel fundamental en el desarrollo de la ND y podrían ser propuestas como potenciales biomarcadores para el diagnóstico oportuno de esta enfermedad.

Objetivo

Evaluar a través de un análisis *in silico* la asociación de los miRNAs: miR-126, miR-320a y miR-1288-3p, sus genes blancos y las vías de señalización implicadas en el desarrollo de la ND.

Metodología y Resultados

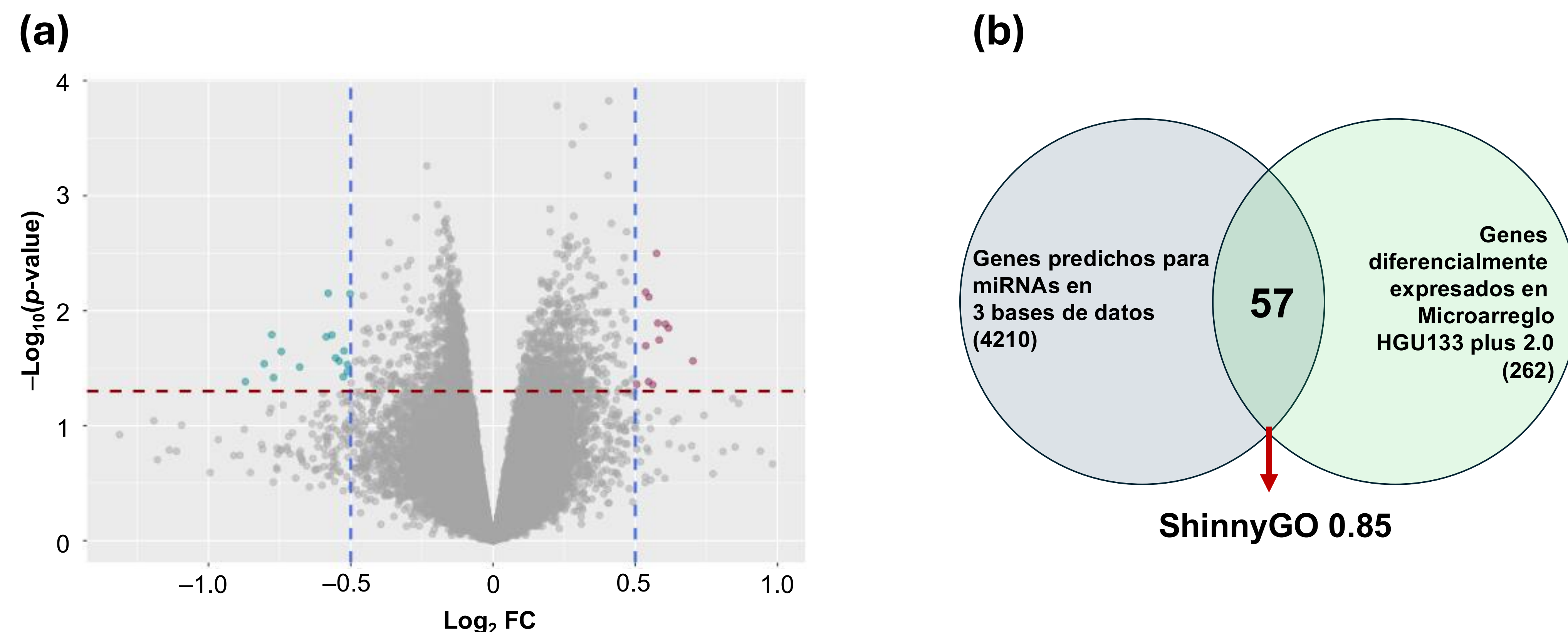


Figura 1. Análisis de bioinformático. (a) Genes con expresión diferencial del microarreglo HGU133A. (b) Análisis comparativo entre genes blanco de miRNAs y genes con expresión diferencial.

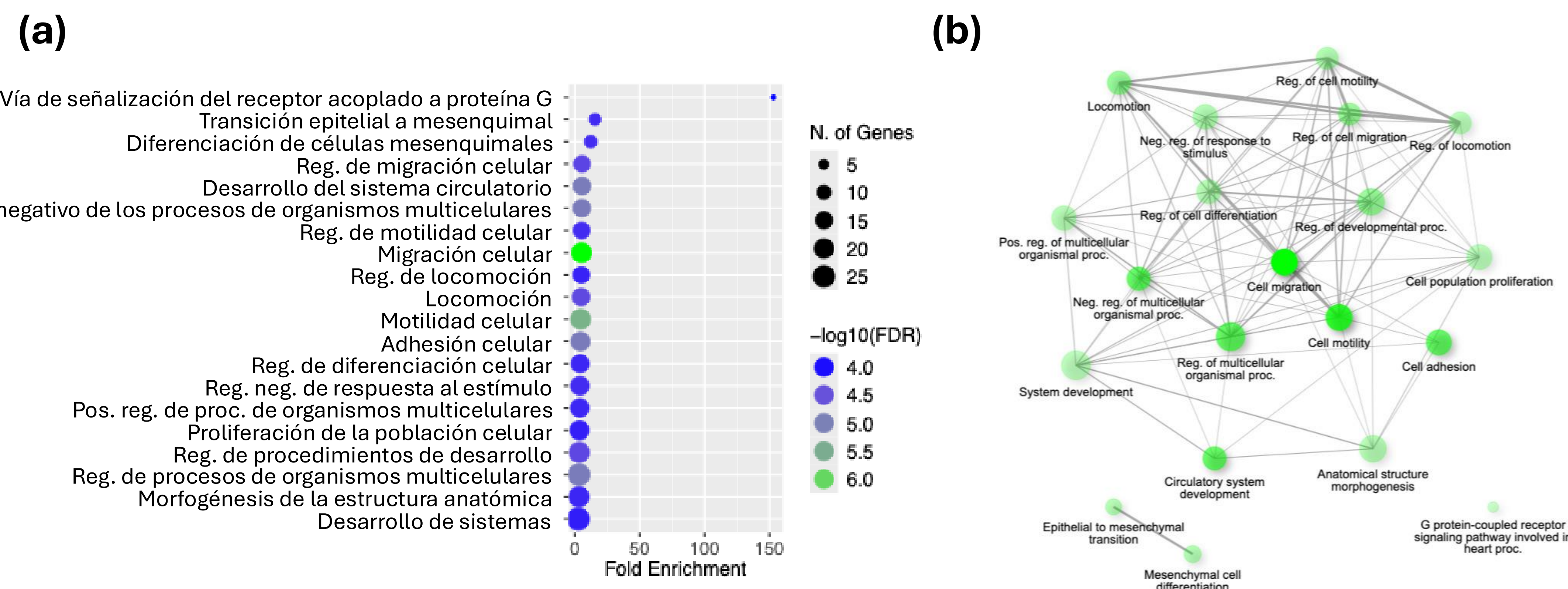


Figura 1. Análisis de vías de señalización. (a) Dotplot de las vías de señalización implicadas en el desarrollo de ND. (b) Red de interacción de vías asociadas con ND.

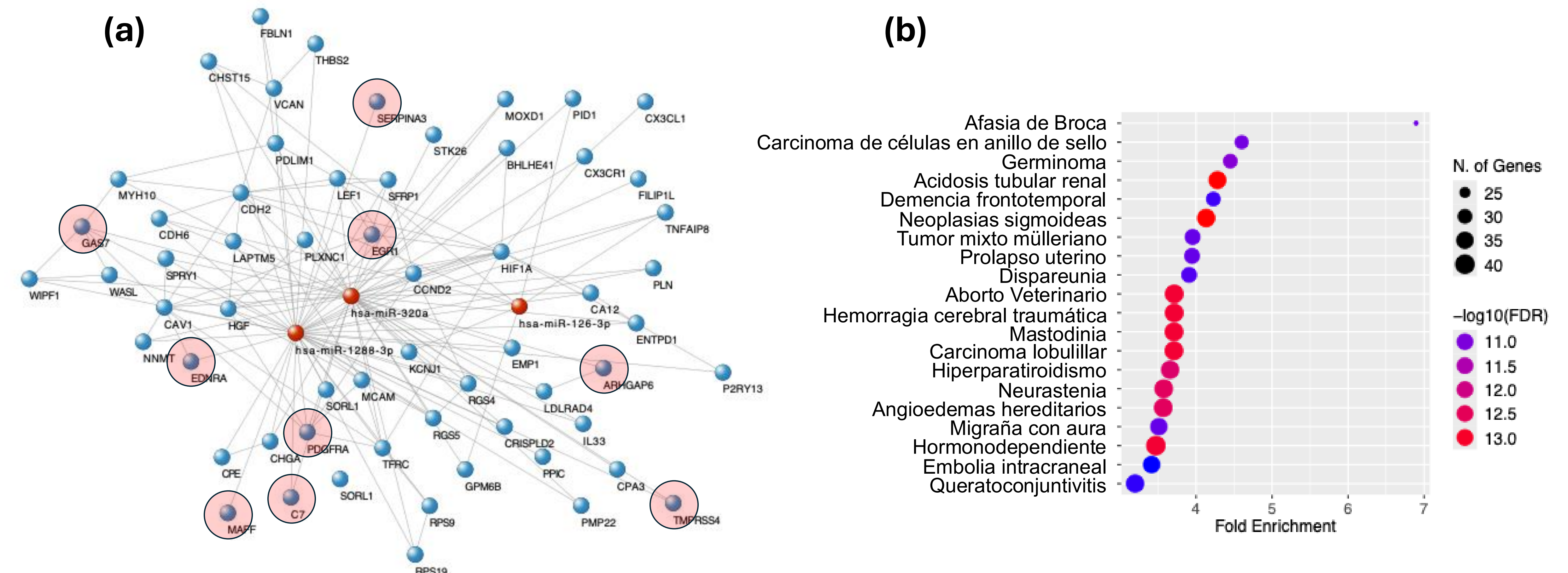


Figura 3. Enriquecimiento de procesos biológicos. (a) Red de interacción entre genes y miRNAs implicados en ND (b) Dotplot de enfermedades vinculadas con genes asociados con ND.

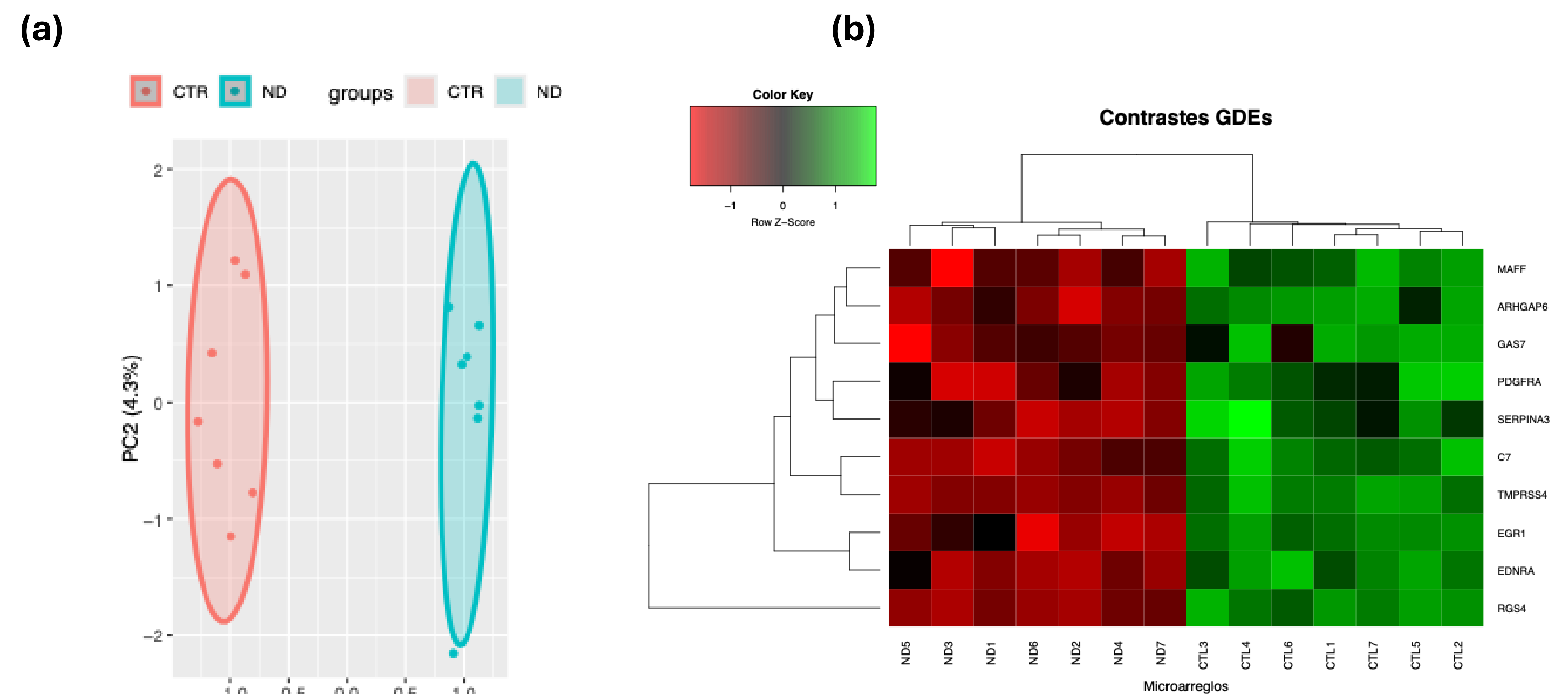


Figura 4. Análisis de genes diferencialmente expresados (a) Se muestran dos componentes principales correspondientes a los grupos controles y ND (b). Heatmap de los genes seleccionados.

Conclusión

Se identificaron 3 miRNAs, 57 genes blanco y 7 vías de señalización implicadas en el desarrollo de ND. Los miRNAs seleccionados tienen potencial como biomarcadores para el diagnóstico oportuno de esta enfermedad. Son necesarios ensayos biológicos que permitan validar la expresión y el papel funcional de los miRNAs y de los potenciales genes blancos.