

No. Registro: **393**

Evaluación *in silico* de hsa-miR-125a-5p y hsa-miR-125b-5p como posibles biomarcadores para el seguimiento del tratamiento con acupuntura en la artritis reumatoide.

Gabriela A. Martínez-Martínez ^{1,2}, Diana Ivette Aparicio-Bautista ³, Nubia D. Nieto-Vargas ⁴, Rogelio Frank Jiménez-Ortega ².

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

² Servicio de Medicina Genómica. Instituto Nacional de Rehabilitación Luis Guillermo Ibarra Ibarra (INRLGII). Ciudad de México 14389. México.

³ Laboratorio de Genómica del Metabolismo Óseo. Instituto Nacional de Medicina Genómica (INMEGEN). Ciudad de México 14610. México.

⁴ Clínica Integral Universitaria. Universidad Estatal del Valle de Ecatepec (UNEVE). Ecatepec de Morelos 55210, Estado de México. México.

Introducción

La artritis reumatoide (AR) es una enfermedad autoinmune crónica que se caracteriza por la inflamación persistente de las articulaciones sinoviales, provocando la destrucción del cartílago y el hueso que puede ser influenciada por alteraciones en los perfiles de expresión de miRNAs.

Objetivo

Evaluar el efecto terapéutico de la actividad física en mujeres mexicanas con AR mediante el análisis de la expresión de miRNAs como posibles biomarcadores moleculares de respuesta.

Metodología y Resultados

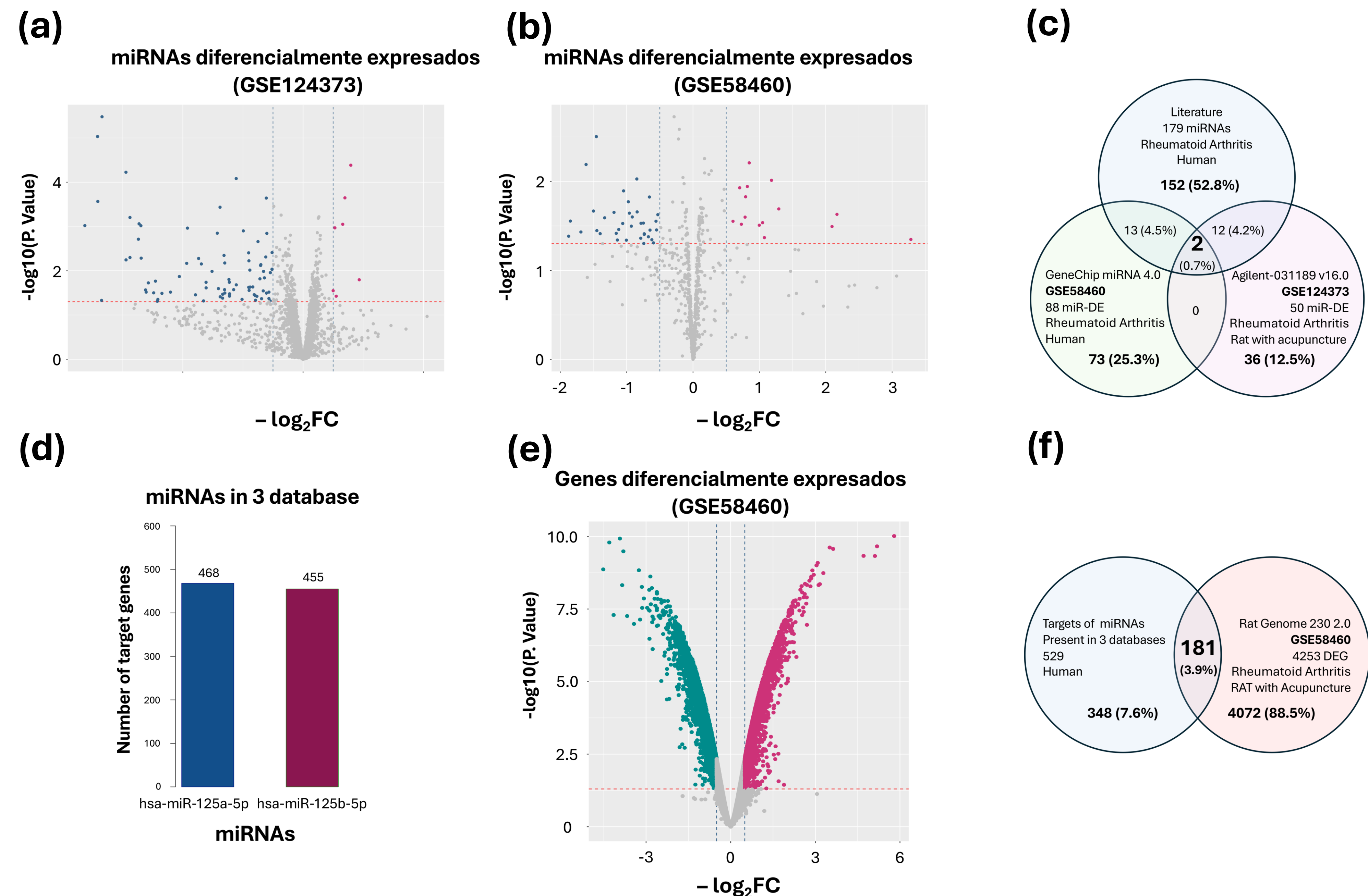


Figura 1. Selección de miRNA candidatos y sus posibles genes diana. (a), diagrama de volcán de miRNA expresados diferencialmente en AR humana. (b), diagrama de volcán de miRNA expresados diferencialmente con AR de rata tratada con acupuntura. (c), diagrama de Venn entre miRNA humanos y de rata y revisión sistemática de la literatura. (d), genes diana de los miRNA seleccionados. (e), GDE en ratas con AR tratadas con acupuntura. (f), diagrama de Venn entre genes diana de miRNA y DEG en ratas.

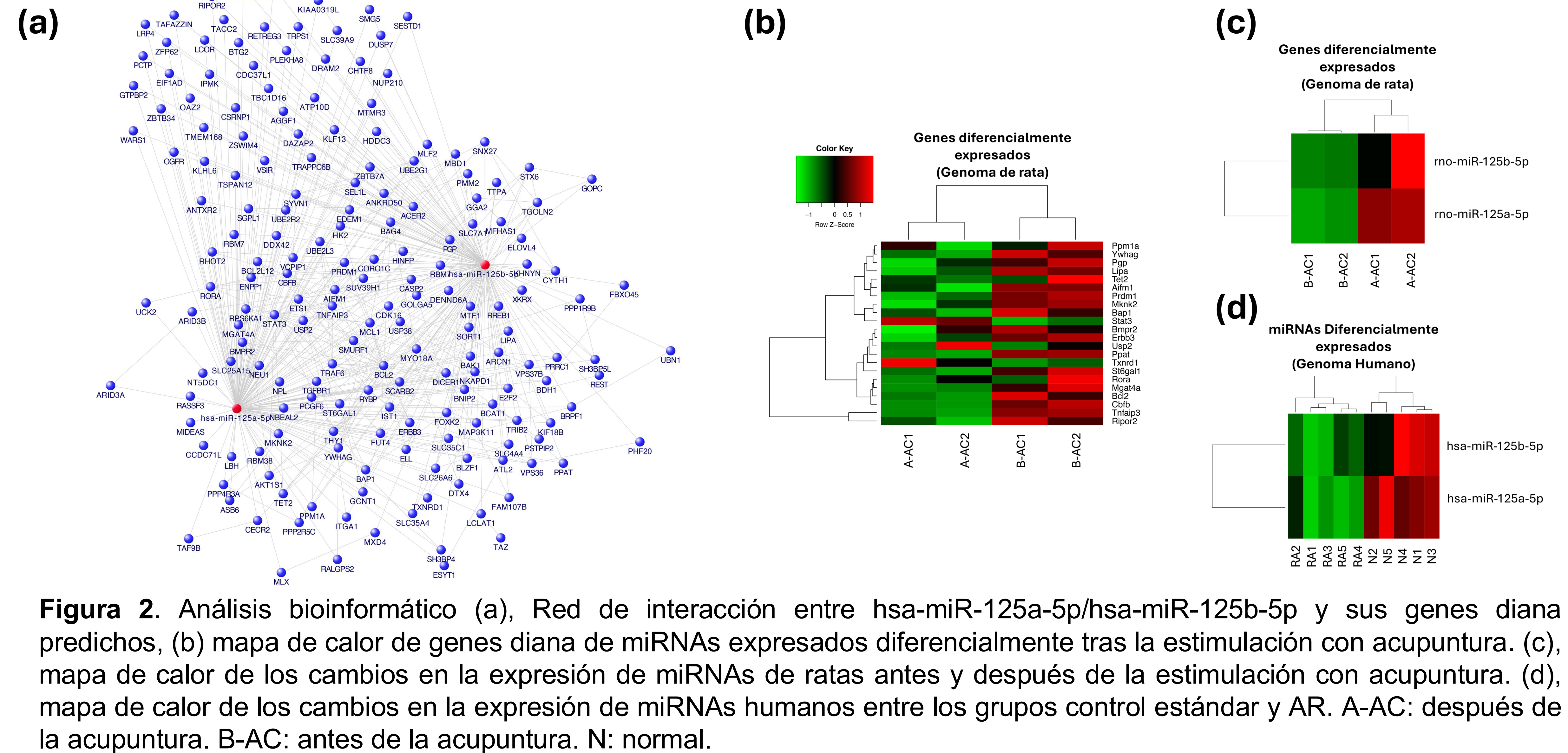


Figura 2. Análisis bioinformático (a), Red de interacción entre hsa-miR-125a-5p/hsa-miR-125b-5p y sus genes diana predichos, (b) mapa de calor de genes diana de miRNAs expresados diferencialmente tras la estimulación con acupuntura. (c), mapa de calor de los cambios en la expresión de miRNAs de ratas antes y después de la estimulación con acupuntura. (d), mapa de calor de los cambios en la expresión de miRNAs humanos entre los grupos control estándar y AR. A-AC: después de la acupuntura. B-AC: antes de la acupuntura. N: normal.

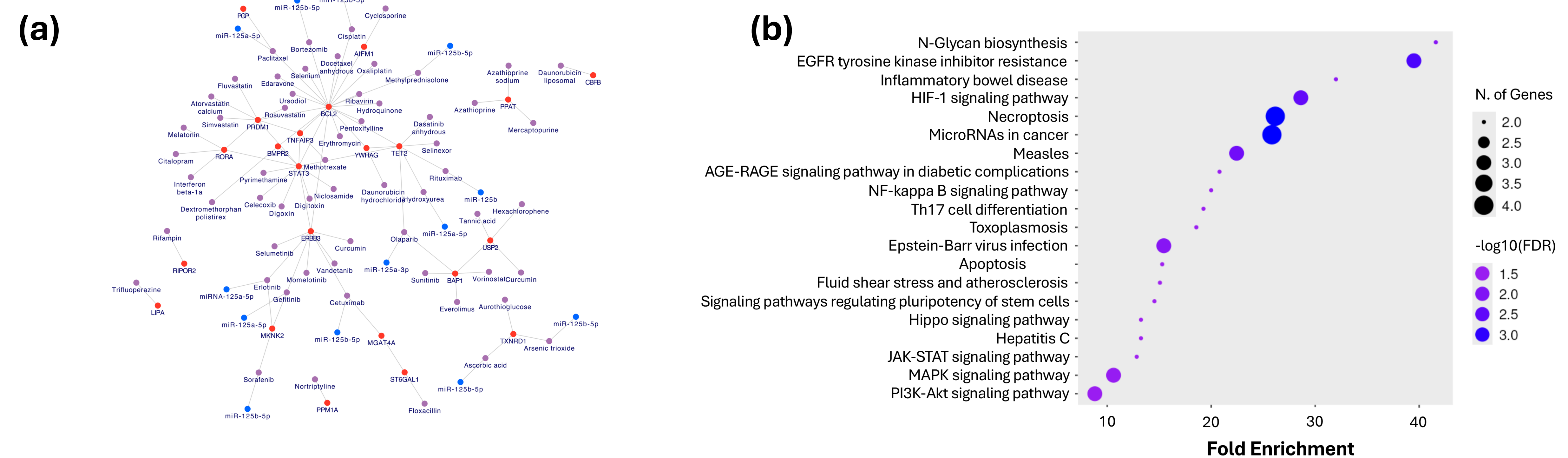


Figura 3. Red de interacción (a), Interacción entre genes/fármacos/miRNAs. (b) Vías de señalización asociadas con el desarrollo de AR.

Conclusión

La familia miR-125 (hsa-miR-125a-5p y hsa-miR-125b-5p) se ha implicado en la patogénesis de la AR a través de patrones de expresión desregulados, mientras que la reducción de los niveles de expresión se correlaciona con la progresión de la enfermedad. La reconstitución de los niveles de expresión de estos miRNAs se ha asociado con una mejoría en pacientes con AR, lo que establece su potencial como biomarcadores diagnósticos y pronósticos. En este estudio *in silico*, nuestros resultados sugieren que la acupuntura puede inducir la reconstitución de los perfiles de expresión de hsa-miR-125a-5p y hsa-miR-125b-5p.