



Determinación de los niveles de expresión de genes que participan en la transición epitelio mesénquima de plasmas/sueros de pacientes con cáncer gástrico

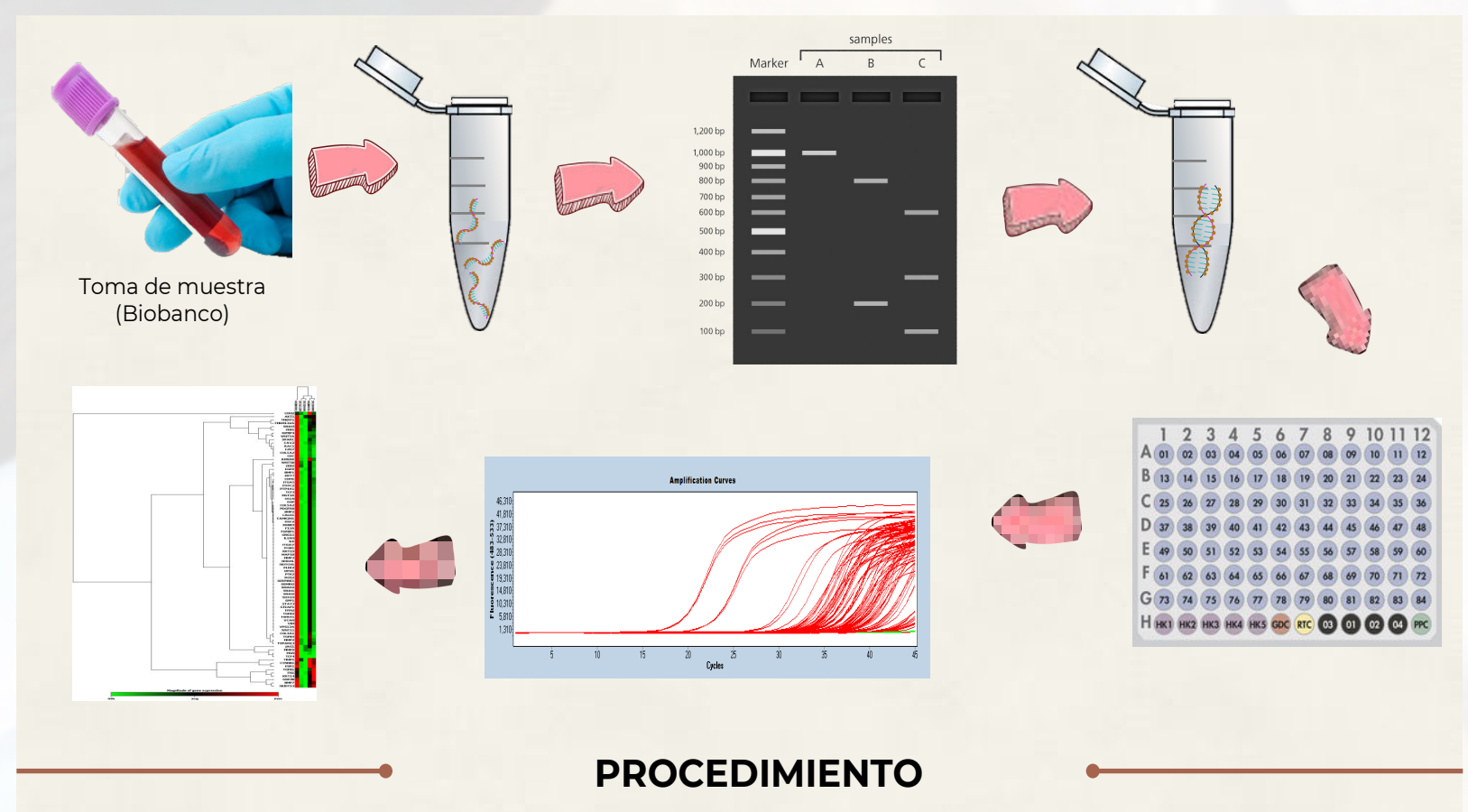
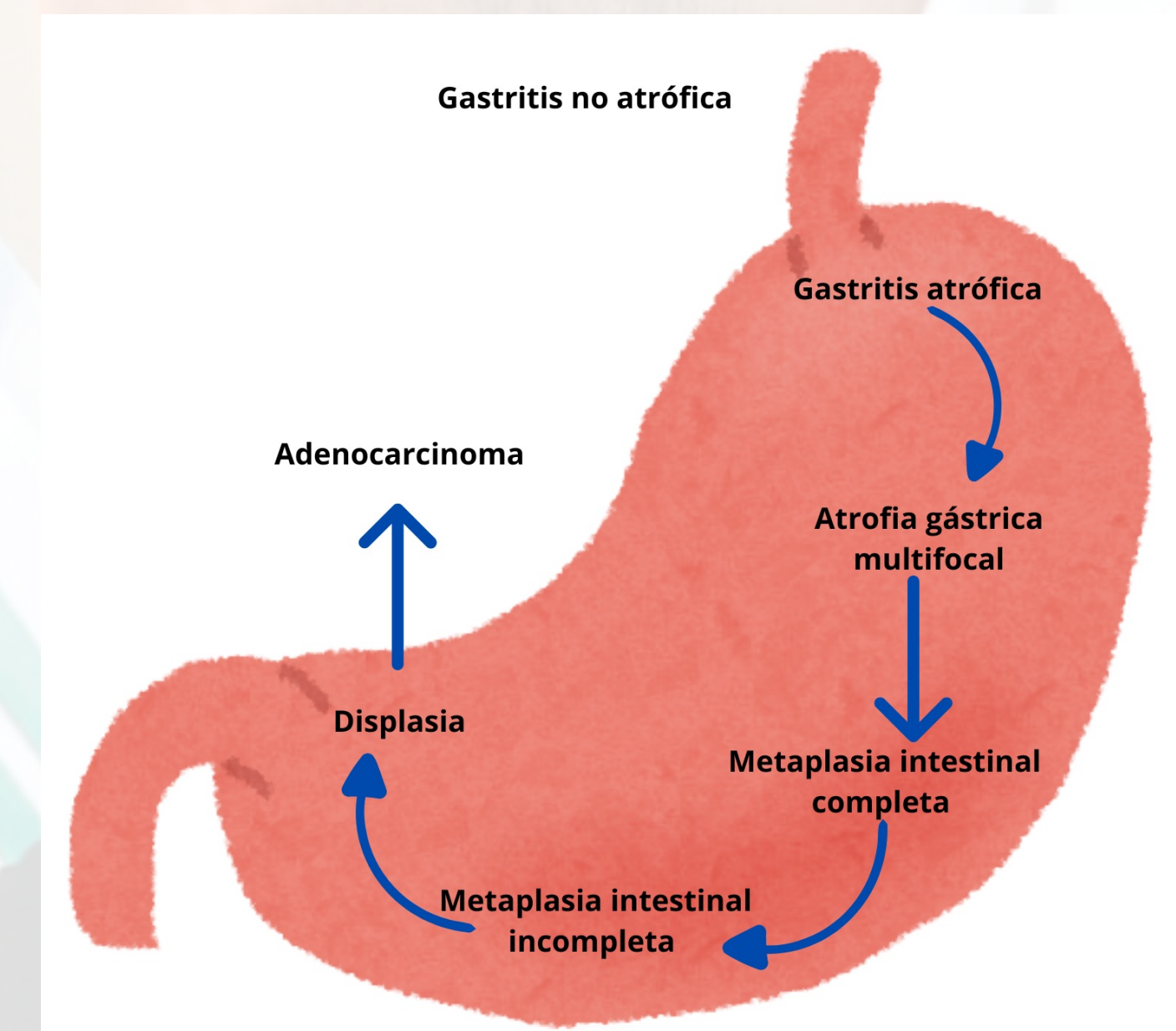
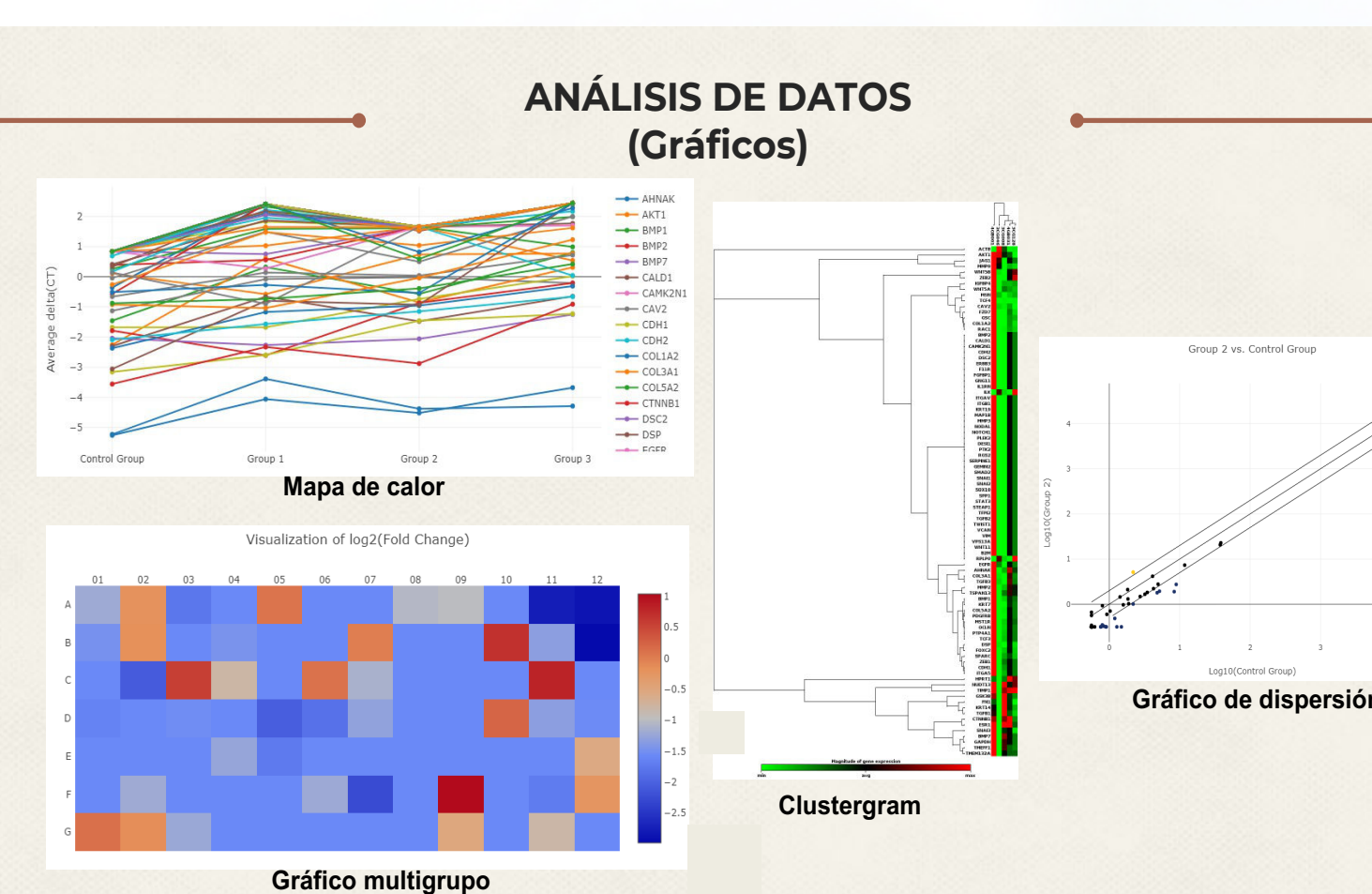
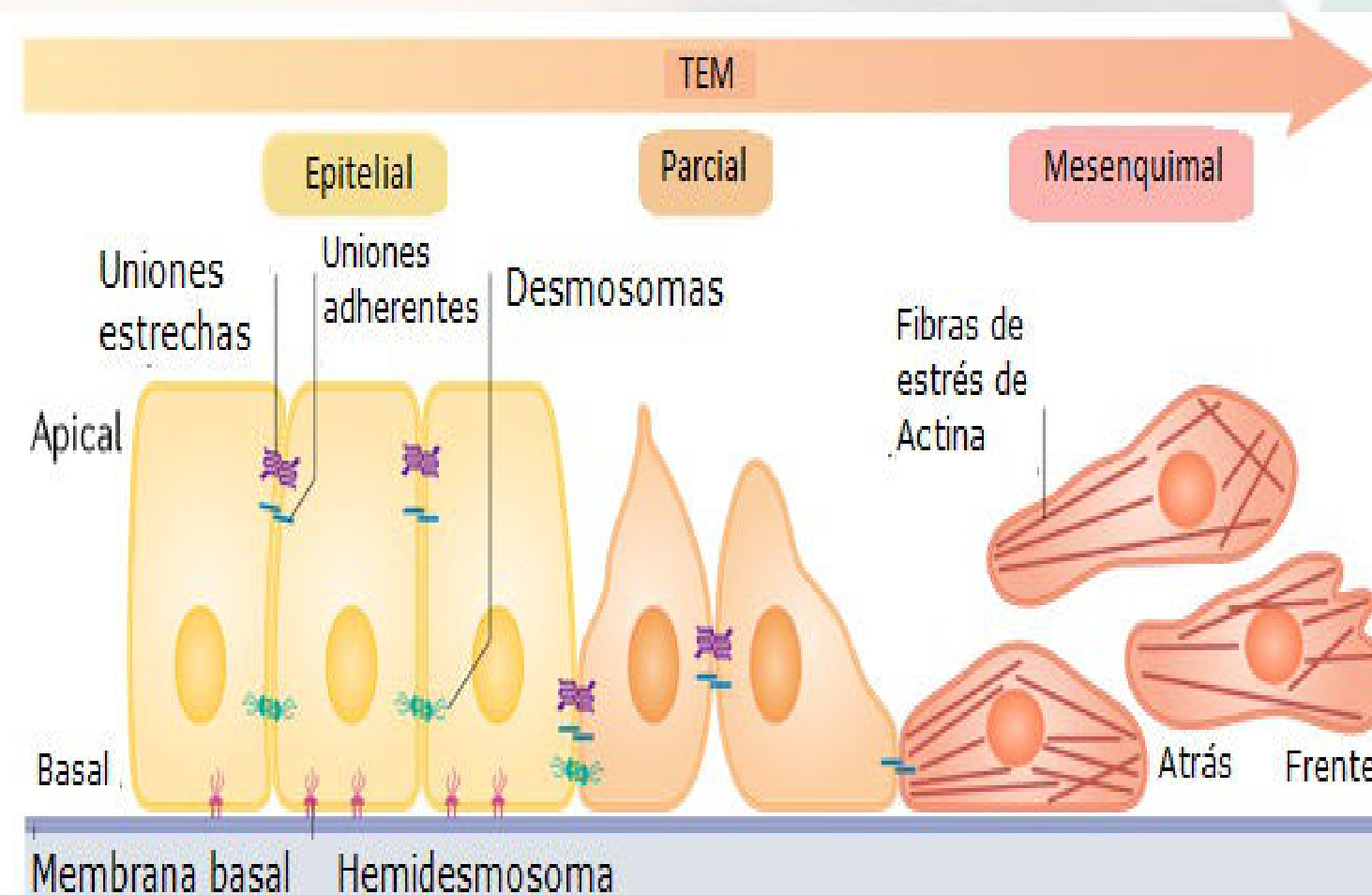
Martha Eugenia Ruiz Tachiquín¹, Alejandra García Bejarano¹, Hilda Alicia Valdez Salazar², Violeta Larios Serrato³, Javier Torres², Margarita Camorlinga Ponce², Patricia Piña Sánchez¹

¹Unidad de Investigación Médica en Enfermedades Oncológicas. ²Unidad de Investigación Médica en Enfermedades Infecciosas y Parasitarias. ^{1,2}Centro Médico Nacional-Siglo XXI-Instituto Mexicano del Seguro Social. ³Laboratorio de Biotecnología y Bioinformática Genómica. Escuela Nacional de Ciencias Biológicas-Instituto Politécnico Nacional, Ciudad de México, México
✉ mertachiquin@gmail.com

Antecedentes. En el cáncer, el cáncer gástrico (CG) ocupa el quinto lugar en incidencia y mortalidad en el mundo. El diagnóstico se realiza mediante un conjunto de pruebas, como la endoscopia para obtener imágenes y biopsias de tejido, los resultados patológicos pueden determinar etapas precancerosas o cáncer. La creciente tasa de incidencia-CG muestra que existe la necesidad de desarrollar nuevos métodos que detecten, monitoreen y pronostiquen a esta neoplasia. Por otro lado, la transformación de una célula epitelial a una célula mesenquimal, evento que promueve la progresión y metástasis del tumor, denominada transición-epitelio-mesénquima (TEM), es una marca (*Hallmark*) del cáncer. **Objetivo.** Determinar y analizar las diferencias entre los niveles de expresión de un set de genes de la TEM en plasmas-CG Intestinal (CGI) de pacientes del Hospital de Oncología-IMSS. **Material y método.** Purificar el RNA de biopsias líquidas (200 microlitros de plasma) de pacientes-CGI y gastritis no atróficas (controles). Realizar el *screening* de 84 genes-TEM de las muestras, mediante qRT-PCR. Analizar los valores de Ct. Construir los mapas de calor para visualizar los patrones de expresión y generar una firma génica plausible y coherente biológicamente.

Resultados. Se obtuvo un panel de 17 genes diferenciados: ocho (VCAN, CAMK2N1, DSC2, ITGAV, ITGB1, NOTCH1, AHNAK, FGFBP1) reportados previamente en la TEM-cáncer y detectados en estómago; otros siete (DSP, BMP1, BMP2, COL3A1, NODAL, SERPINE1, KRT7) tienen reportes en la TEM-no en cáncer pero si se han detectado en estómago; IL1RN tiene datos TEM-cáncer gástrico y el gen FOXC2 sin una relación o asociación directa a la TEM-cáncer y no ha sido detectado en estómago. **Conclusiones.** Tenemos una firma de 17 genes en diferentes grupos que requieren validarse para poder proponer este perfil de genes-TEM-CGI como una nueva herramienta que generará conocimiento de la biología del CGI y dará apoyo a la clínica por su valor pronóstico.

R-2022-3602-024



	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	AHNAK	AKT1	BMP1	BMP2	BMP7	CALD1	CAMK2N1	CAV2	CDH1	CDH2	COL1A2	COL3A1
B	COL5A2	CTNNA1	DSC2	DSP	EGFR	ERBB3	ESR1	F11R	FGFBP1	FN1	FOXC2	FZD7
C	GNG11	GSK3B	IGFBP4	IL1RN	ILK	ITGA5	ITGAV	ITGB1	JAG1	KRT14	KRT19	
D	KRT7	MAP18	MMP2	MMP3	MMP9	MSN	MST1R	NODAL	NOTCH1	NUDT13	OCLN	PDGFRB
E	PLEK2	PPPDE2	PTK21	PTP4A1	RAC1	RGS2	SERPINE1	SIP1	SMAD2	SNAI1	SNAI2	SNAI3
F	SOX10	SPARC	SPP1	STAT3	STEAP1	TCF3	TCF4	TFPI2	TGFBI	TGFBI2	TGFBI3	TIMP1
G	TMEFF1	TMEM12A	TSPAN13	TWIST1	VCAN	VIM	VPS13A	WNT11	WNT5A	WNT5B	ZEB1	ZEB2
H	ACTB	B2M	GAPDH	HPRT1	RPLP0	HGD	RTC	RTC	RTC	PPC	PCC	PCC

