

Alteraciones del número de copias y genes de la transición epitelio mesénquima en cáncer gástrico difuso e intestinal en pacientes mexicanos

Violeta Larios-Serrato*¹, José Darío Martínez-Ezquerro*², Hilda Alicia Valdez-Salazar*³, Javier Torres³, Margarita Camorlinga-Ponce³, Patricia Piña-Sánchez⁴, Martha Eugenia Ruiz-Tachiquín⁴

¹Laboratorio de Biotecnología y Bioinformática Genómica, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional, Unidad Profesional Lázaro Cárdenas, CIUDAD DE MÉXICO 11340, México.

²Unidad de Investigación Epidemiológica y de Servicios de Salud, Área de Envejecimiento, Centro Médico Nacional Siglo XXI, Instituto Mexicano del Seguro Social, CIUDAD DE MÉXICO 06720, México.

³Unidad de Investigaciones Médicas de Enfermedades Infecciosas y Parasitarias, Unidad Médica de Alta Especialidad-Hospital de Pediatría 'Dr. Silvestre Frenk Freund', Centro Médico Nacional Siglo XXI, IMSS, CIUDAD DE MÉXICO 06720, México.

⁴Unidad de Investigaciones Médicas de Enfermedades Oncológicas, Unidad Médica de Alta Especialidad-Hospital de Oncología, Centro Médico Nacional Siglo XXI, Instituto Mexicano del Seguro Social, CIUDAD DE MÉXICO 06720, México.

*Contribuyó por igual

Antecedentes. El cáncer gástrico (CG) es una neoplasia común con la tasa de mortalidad más alta entre las enfermedades del sistema digestivo en todo el mundo. **Objetivo.** En este trabajo analizamos las alteraciones en el número de copias en un set de muestras-GC de pacientes del Hospital de Oncología-IMSS. **Material y método.** Se purificó el DNA de las biopsias de GC difuso (DGC), GC intestinal (IGC) y gastritis no atrófica (control). Se realizó un análisis de genoma completo mediante arreglos de alta densidad. **Resultados.** Se identificaron las alteraciones del número de copias (CNA) compartidas y únicas entre los diferentes tejidos, se determinaron genes clave y vías de señalización asociadas con el cáncer, lo que nos condujo a la identificación de las funciones moleculares más relevantes. La estrategia bioinformática dirigida a los genes de la transición epitelio mesenquima (TEM) reveló que, las alteraciones cromosómicas destacaron a 11 genes de DGC, IGC y NAG, 19 genes exclusivos de DGC y 7 de IGC. Se generó una red *in silico* centrada en los genes alterados en CNA asociados con TEM y *Hallmarks* del cáncer. **Discusión.** Los principales procesos biológicos alterados fueron la adhesión, angiogénesis, migración, metástasis, morfogénesis, proliferación y supervivencia. Nuestro trabajo es el primer análisis mediante arreglos de alta densidad de genoma completo en pacientes mexicanos con GC. **Conclusiones.** Las firmas moleculares de GC difuso e intestinal, predichas bioinformáticamente, involucraron genes TEM comunes y diferentes relacionados con las características del cáncer, los que son candidatos potenciales para la determinación de biomarcadores.

PUBLICADO: Mol Med Rep 2022 May;25(5):191. doi:10.3892/mmr.2022.12707. Epub 2022 Apr 1.

