

RNA-Seq como plataforma para la identificación de rutas moleculares implicadas en la apoptosis de neutrófilos inducida por *Mycobacterium tuberculosis*.

viernes, 24 de octubre de 2025 18:48 (2)

La secuenciación de ARN (RNA-Seq) se ha consolidado como una herramienta revolucionaria en transcriptómica y biotecnología, que permite analizar la expresión génica con resolución a nivel de nucleótido. A diferencia de los microarreglos tradicionales, RNA-Seq ofrece una detección precisa de isoformas, regiones no anotadas y eventos de empalme alternativo, proporcionando una visión completa del transcriptoma en distintos contextos biológicos. Esta tecnología ha transformado la comprensión de los mecanismos moleculares implicados en procesos de desarrollo, diferenciación y patología, impulsando la investigación biomédica, el diagnóstico genético y la medicina de precisión.

El RNA-Seq es utilizado para estudiar la respuesta inmunológica frente a *Mycobacterium tuberculosis* (*Mtb*), con un enfoque innovador en la regulación de la apoptosis de neutrófilos inducida por inmunocomplejos IgG-*Mtb*. Se propone que dichos inmunocomplejos activan vías de señalización específicas que desencadenan la apoptosis, lo cual podría modular favorablemente la respuesta inflamatoria.

La investigación se centra en evaluar los perfiles transcriptómicos de neutrófilos tratados con inmunocomplejos, identificando genes y proteínas diferencialmente expresados asociados a la vía FcγR-Syk-PI3K-Cdc42-PAK-MEK-ERK y a la regulación de la muerte celular. Posteriormente, los hallazgos se podrán validar mediante otras técnicas y por medio de la detección de proteínas fosforiladas (Syk, ERK), integrando los resultados transcriptómicos y funcionales. Además, se explorará la capacidad de los cuerpos apoptóticos derivados de neutrófilos para activar macrófagos microbicidas (M1), evaluando marcadores inmunológicos y producción de óxido nítrico como indicadores de activación.

En conjunto, este estudio integra el poder analítico del RNA-Seq con enfoques inmunológicos experimentales para identificar rutas moleculares críticas en la interacción huésped-patógeno, aportando bases para el desarrollo de estrategias terapéuticas más efectivas contra la tuberculosis.

Temática

Salud Humana

Palabras clave

RNA-Seq, Transcriptómica, *Mycobacterium tuberculosis*, apoptosis

Primary author(s) : BERNAL, Martín

Co-author(s) : CARABALÍ, Mary

Presenter(s) : BERNAL, Martín

Clasificación de la sesión : Sesión de Posters