

Vías moleculares de apoptosis en neutrófilos durante la tuberculosis: un mapa de genes validados y no explorados por RT-qPCR

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

La tuberculosis (TB) continúa siendo una de las principales causas de muerte por infección en el mundo. Aunque la vacuna BCG brinda protección parcial, su eficacia limitada impulsa la búsqueda de nuevas estrategias inmunológicas. Los neutrófilos, elementos clave de la respuesta innata frente a *Mycobacterium tuberculosis*, presentan un papel dual: su apoptosis ayuda a controlar la infección, mientras que la necrosis favorece la diseminación bacteriana. Sin embargo, los mecanismos moleculares que regulan estos procesos aún no están completamente caracterizados.

El propósito de esta investigación es revisar las vías apoptóticas en neutrófilos durante la TB y analizar la utilidad de la técnica RT-qPCR para validar genes involucrados. Se realizó una revisión sistemática de literatura en bases de datos científicas, incluyendo estudios de biología molecular, ensayos proteicos y transcriptómicos en pacientes con TB activa, latente y controles sanos.

Los resultados describen dos rutas principales de apoptosis: una vía canónica mitocondrial dependiente de BAX, BCL2, CASP3, CASP8 y CASP9, y una vía no canónica mediada por inmunocomplejos que podría involucrar la señalización PI3K-Cdc42-PAK-MEK-ERK. La mayoría de los estudios emplean Western blot, citometría de flujo, microscopía confocal y ensayos enzimáticos para evidenciar activación de caspasas o variaciones en proteínas pro- y antiapoptóticas. A nivel transcriptómico, los análisis de RNA-seq muestran sobreexpresión de TNF, IL1B y MMP8 en pacientes con TB activa.

Aunque se han validado por RT-qPCR algunos marcadores transcriptómicos como RBM3, CSRNP1 y SRSF5, no existen validaciones específicas para genes apoptóticos. En la vía canónica, los genes CASP3, CASP8, BAX y BCL2 se han analizado solo por métodos proteicos, mientras que los componentes de la ruta PI3K-Cdc42-PAK-MEK-ERK carecen de validación a nivel de ARNm.

Se propone validar mediante RT-qPCR los genes clave de ambas vías para integrar la regulación génica con los mecanismos funcionales de apoptosis y fortalecer estrategias inmunoterapéuticas contra la TB.

Temática

Salud Humana

Palabras clave

Tuberculosis, neutrófilos, apoptosis, RT-qPCR

Primary author(s) : CEBALLOS COLINA, Ana Gabriela (Universidad Antonio Nariño)

Co-author(s) : Dr CARABALÍ ISAJAR, Mary Lilián (Universidad Antonio Nariño)

Presenter(s) : CEBALLOS COLINA, Ana Gabriela (Universidad Antonio Nariño)

Clasificación de la sesión : Sesión de Posters