



## **EVALUACIÓN DE PROTEÍNAS RELACIONADAS CON LA VÍA DE LOS MIRNAS COMO BIOMARCADORES POTENCIALES DE CÁNCER DE MAMA EN POBLACIÓN ZACATECANA**

Raul Adrian Martinez Orozco<sup>1</sup>, Luis Arturo Jaime Martinez<sup>1</sup>, Luis Antonio Ramirez Bermejo<sup>1</sup>, Marco Sanchez Martinez<sup>2</sup>, Jose Guadalupe Ortiz Ramirez<sup>1</sup>, Jorge Luis Ayala Luján<sup>1</sup> y Susana Godina Gonzalez<sup>1</sup>

1 Universidad Autónoma de Zacatecas, 2 Hospital General de Zacatecas "Luz Gonzalez Cosio". rmar@uaz.edu.mx

El cáncer de mama es la neoplasia más común en mujeres a nivel mundial y ocurre a través de un mecanismo sumamente complejo en el que una gran cantidad de funciones celulares se ven alteradas. Reportes recientes muestran una expresión aberrante de varios miRNAs en los tumores mamarios, razón por la cual es factible pensar que la maquinaria celular involucrada en la biogénesis y función de estos RNAs pequeños, pueda experimentar eventos de desregulación. En este sentido, existen varias proteínas clave para el funcionamiento y biogénesis correcta de los miRNAs, entre las que se encuentran las proteínas de la familia Argonauta y ADAR. El objetivo de nuestro estudio fue evaluar la expresión de las proteínas Argonauta 4 y ADAR1 en tumores mamarios y en tejidos normales mediante la técnica de western blot. Analizamos un total de 55 tejidos, clasificados en 4 grupos de acuerdo a su estatus tumoral (Tejido sin alteración, carcinoma ductal in situ, carcinoma ductal infiltrante y carcinoma lobulillar infiltrante). Los datos obtenidos se evaluaron mediante la prueba de chi cuadrada de Pearson y encontramos que ninguna de las dos proteínas (Argonauta 4 y ADAR1) se asociaban de forma significativa al estatus tumoral. En este sentido, podemos concluir que en nuestra muestra analizada, no existe relación entre los diferentes estadios tumorales y la expresión de estas proteínas de la vía de los miRNAs.