







Diseño de un flujo de investigación usando R/Bioconductor para el estudio del melanoma cutáneo

Aylén Avila, Luciano Anselmino, Mauricio Menacho-Marquez Centro de Investigación y Producción de Reactivos Biológicos (CIPReB FCM-UNR)

Melanoma y famila Vav

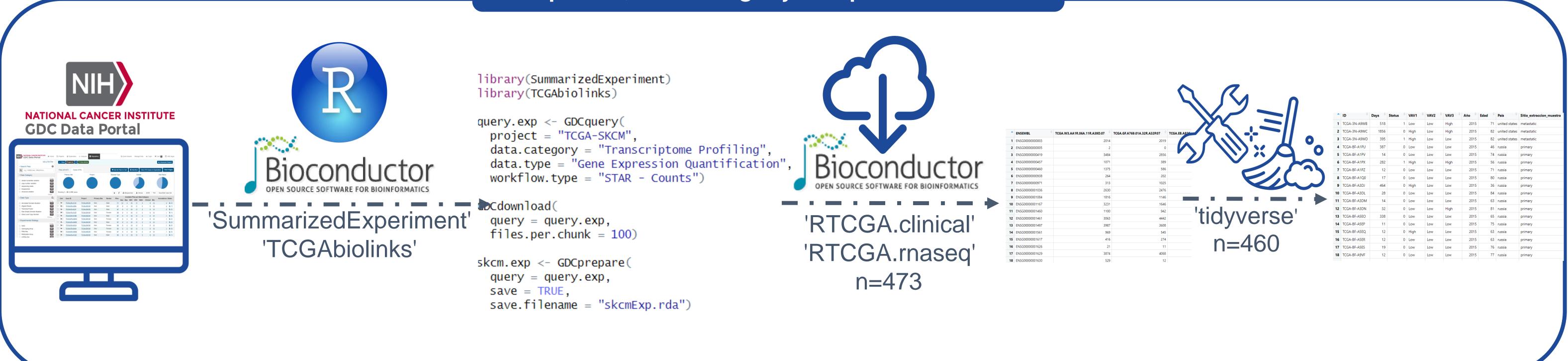
El melanoma es la forma más severa de cáncer de piel, originado a partir de la transformación maligna de los melanocitos cutáneos. Con una incidencia global en aumento, es uno de los tipos de cáncer más metastásicos y con menores opciones de tratamiento.

La familia de proteínas Vav, son activadoras de las Rho GTPasas, cuya desregulación se asocia con fenómenos prooncogénicos. Se ha propuesto que las proteínas Vav2 y Vav3 cumplen papeles importantes y antagónicos durante el desarrollo de cáncer de piel.

Nuestra hipótesis propone un rol supresor de tumor para Vav3 en melanoma, que se contrapone al papel pro-tumoral observado para Vav2.

Proponemos diseñar un flujo de investigación para encontrar posibles vías afectadas por Vav2 y Vav3, utilizado un base de datos pública y herramientas del entorno R/Bioconductor.

Búsqueda, descarga y limpieza de datos



Procesamiento y análisis Survivalplot para VAV2 VAV3 VAV2 Bioconductor Bioconductor 596 (24%) 1647 281 (65%) (11%) 'tidyverse' Survivalplot para VAV3 'ReactomePA' 'edgeR' 'survminer' 'VennDiagram' 'enrichplot' 'RColorBrewer'

Comentarios finales

Aunque más estudios son necesarios, nuestro abordaje permitió conocer los perfiles transcripcionales asociados a las altas y bajas expresiones de Vav2 y Vav3. Además se pudieron asociar los perfiles de DEGs de ambas Vav con procesos de queratinización, formación de capa córnea. Por otro lado, el perfil de Vav3 mostró asociación a vías de señalización relacionadas con procesos inmunitarios. Se asoció una mayor sobrevidda a valores altos de la expresión de Vav3 mientras que una peor sobrevida a los valores altos de Vav2. Esto coincide con nuestra hipótesis inicial.

El entorno de R resultó una herramienta muy potente para el acceso, limpieza, procesamiento e interpretación de datos.

El pipeline generado en este trabajo puede servir de guía para el análisis de otros sets de datos.

