

El perfil de metilación del ADN de todo el genoma identifica biomarcadores de la competencia y un modelo atómico potencial para el trastorno metabólico

Genome-Wide DNA Methylation Profiling Identifies Competitor Biomarkers and a Potential Atomic Model for Metabolic Disorder

Fecha de recibido: 02-Oct-2022, Manuscript No. IPADM-22-13261; **Fecha del Editor asignado:** 05-Oct-2022, PreQC No. IPADM-22-13261(PQ); **Fecha de Revisados:** 19-Oct-2022, QC No. IPADM-22-13261; **Fecha de Revisado:** 21-Oct-2022, Manuscript No. IPADM-22-13261(R); **Fecha de Publicación:** 28-Oct-2022, DOI: 10.36648/1698-9465.22.18.1565

Su-jeong park*

KM Data Division, Korea Institute of Oriental Medicine, Republic of Korea

***Correspondencia:**
Su-jeong park

✉ sujeong.p@kiom.re.kr

El Consorcio de Modelado Global de COVID-19 y Cáncer (CCGMC) se estableció en mayo de 2020 para abordar la necesidad global de evidencia sobre el impacto de las interrupciones y su moderación. El CCGMC tiene la intención de organizar la investigación pertinente sobre COVID-19 y la enfermedad y establecer escenarios de demostración esclarecedores para la toma de decisiones sobre el control del crecimiento maligno. El CCGMC ha establecido tres flujos de trabajo interconectados para examinar el impacto de COVID-19 en los resultados de la detección y el análisis de crecimiento maligno y el riesgo de enfermedad. El objetivo es desarrollar un marco que permita la distribución de proyecciones a corto y largo plazo actualizadas regularmente de resultados significativos de crecimiento maligno. Se está prestando mucha atención a la evaluación de posibles estrategias de priorización y recuperación, tanto durante como después de las graves interrupciones en la administración social y de bienestar experimentadas a nivel mundial.

Entre ellos, 47 DMP se asociaron esencialmente con la declaración de 36 cualidades comparativas, que se mejoraron en la obstrucción de la insulina, la vía de señalización de la insulina y la vía de señalización de la apelina. Entre estas cualidades relacionadas con MetS, la aprobación de la cualidad más segregante a través del examen de curvatura ROC, GFPT2, mostró una gran hipermetilación/articulación regulada a la baja en sujetos con MetS en contraste con los controles ordinarios mediante secuenciación de amplicón de bisulfito (BSAS) y PCR cuantitativa continua (qRT-PCR). Nuestros descubrimientos mostraron cambios en la metilación del ADN en sujetos con MetS, lo que sugiere que la hipermetilación de GFPT2 puede ser un biomarcador epigenético prometedor y enfatiza el trabajo de la articulacion distorsionada de GFPT2 en la patogénesis de MetS [1].

La prevalencia global de MetS ha aumentado del 10% al 40% con el tiempo. MetS es un factor de riesgo significativo para desarrollar diabetes mellitus y enfermedad cardiovascular. La ausencia de biomarcadores convincentes y el conocimiento

sobre las vías mecánicas desencadenadas por la metilación del ADN se suma a la complejidad y la naturaleza multifactorial del MetS oculto. La metilación inusual del ADN en los especialistas en marketing juega un papel importante en el estándar de atención y se ha identificado como un biomarcador para varias enfermedades. La metilación de islas CpG (CGI; áreas CpG de alto espesor) y las áreas aguas arriba de los lugares de inicio de registros (TSS) son herramientas bien desarrolladas asociadas con pautas de articulación de calidad. Para comprender el MetS oculto del instrumento atómico y buscar nuevos biomarcadores epigenéticos para este problema, vinculamos la información de Methylation EPIC BeadChIP con la información de RNA-seq en este estudio.

Con los conjuntos de calidad de DisGe NET, se mejoraron las capacidades de los DEG relacionadas con la fibrilación auricular, la enfermedad coronaria, el curso de la enfermedad coronaria, la arteriosclerosis coronaria y la aterosclerosis. También realizamos un análisis de relación entre la metilación del ADN y la articulación de calidad para distinguir las cualidades relacionadas con MetS controladas por la metilación del ADN. En total, 16 pruebas hipermetiladas y 31 hipometiladas se relacionaron esencialmente con la declaración de sus genes de comparación. De esta manera, realizamos un análisis de red coordinado utilitario de la metilación del ADN y la articulación de la calidad utilizando las 36 cualidades relacionadas con MetS y las 25 vías prácticas identificadas en la investigación útil de desarrollo que ya se describió aquí. Representa las vías y cualidades anticipadas conectadas con las vías y cualidades relacionadas con MetS controladas epigenéticamente. A través del análisis ROC, nos enfocamos en GFPT2, que tenía el mayor poder profético entre los rasgos conocidos relacionados con MetS. Una de las características asociadas con una relación negativa entre la metilación del ADN y la articulación de calidad fue GFPT2, que se sabe que codifica una proteína glicosilada y un miembro de la ruta de señalización de la insulina.

La revisión actual pretendía comparar las herramientas atómicas y los biomarcadores de metilación del ADN en sujetos con MetS con los de los controles identificadas en base a valores altos de AUC y aprobadas por qRT-PCR y BSAS, se encuentran entre las características relacionadas con MetS que pueden usarse para

la detección de MetS. Las características del MetS identificadas en este estudio pueden desempeñar un papel importante en la orientación de los componentes del MetS, en particular las vías relacionadas con la insulina, y pueden proporcionar marcadores para la detección y el tratamiento del MetS.