

ЭВОЛЮЦИОННАЯ, ПОПУЛЯЦИОННАЯ
И МЕДИЦИНСКАЯ ГЕНОМИКА, ТРАНСКРИПТОМИКА

УДК 577.2

ПРОФИЛИРОВАНИЕ микроРНК (8-мерных), НАЦЕЛЕННЫХ НА ГЕНЫ,
СВЯЗАННЫЕ С РАЗВИТИЕМ САХАРНОГО ДИАБЕТА ТИПА 2
И ГИПЕРТРОФИИ СЕРДЦА¹

© 2023 г. К. Hussain^a, A. Ishtiaq^a, I. Mushtaq^a, I. Murtaza^a, *

^aSignal Transduction Laboratory, Department of Biochemistry, Faculty of Biological Sciences, Quaid-i-Azam University, Islamabad, 45320 Pakistan

*e-mail: irambch@qau.edu.pk

Поступила в редакцию 23.05.2022 г.

После доработки 26.07.2022 г.

Принята к публикации 26.07.2022 г.

Сахарный диабет типа 2 (СД2) и гипертрофия сердца входят в первую десятку причин смертности во всем мире. СД2 и гипертрофия сердца – тесно связанные друг с другом хронические заболевания, ведущие к таким тяжелым осложнениям, как инсульт, инфаркт миокарда, ретинопатия, нефропатия и ампутация конечностей. Стратегии, основанные на анализе микроРНК (miR), наряду с другими подходами, считаются наиболее эффективными для раннего выявления хронических заболеваний, а также могут использоваться в терапии СД2 и сердечной гипертрофии. Так, проведены клинические испытания эффективности микроРНК в терапии опухолей. МикроРНК представляют собой одноцепочечные (некодирующие) последовательности из 20–22 нуклеотидов, которые комплементарно связываются со своей мРНК-мишенью, подавляя экспрессию белка на посттранскрипционном уровне. Для проверки генов, связанных с заболеванием, и сортировки общих для двух заболеваний микроРНК, таких как miR-30-5p, 101-3p.2, 190-5p, 506-3p, 9-5p, 128-3p, 137, 96-5p, 7-5p, 107, 101-3p.1, 98-5p, 124-3p.2, 124-3p.1, 16-5p, 15-5p, 497-5p, 424-5p, 195-5p, 1271-5p, let-7-5p, используют такие биоинформатические базы данных, как OMIM, реестр тестирования генов (GTR), TargetScan и ShinyGO. С помощью этих баз данных проводят также поиск микроРНК, мишени которых найдены более чем в одном гене, связанном с заболеванием, в каждом патологическом состоянии. При гипертрофии сердца к таким микроРНК относятся miR-19-3p, 183-5p.2, 153-3p, 372-3p, 302-3p, 520-3p, 373-3p, 129-5p, 144-3p, 139-5p, а в случае СД2 – miR-27-3p, 206, 1-3p, 181-5p. Эти данные могут быть полезными при выборе микроРНК для исследовательских проектов. Однако это потребует дополнительной валидации с использованием анализа экспрессии микроРНК, применения миметиков микроРНК и анти-микроРНК, чтобы проверить их потенциал при гипертрофии сердца и СД2.

Ключевые слова: микроРНК, сахарный диабет типа 2, гипертрофия сердца, нефропатия

DOI: 10.31857/S0026898423020088, **EDN:** EEGWYK

Profiling of Targeted miRNAs (8-nt) for the Genes Involved in Type 2 Diabetes Mellitus
and Cardiac Hypertrophy

K. Hussain¹, A. Ishtiaq¹, I. Mushtaq¹, and I. Murtaza¹, *

¹Signal Transduction Laboratory, Department of Biochemistry, Faculty of Biological Sciences, Quaid-i-Azam University, Islamabad, 45320 Pakistan

*e-mail: irambch@qau.edu.pk

Type 2 Diabetes Mellitus (T2DM) and cardiac hypertrophy (CH) are among the top ten leading cause of deaths, worldwide. T2DM and cardiac hypertrophy are the chronic diseases, have close association and direct life-threatening complications like stroke, myocardial infarction, retinopathy, nephropathy, and limb ampu-

¹ Статья представлена авторами на английском языке.

tation. In addition to other medical approaches, miRNAs-based strategy is considered most efficient for early detection of chronic diseases and also has potential for the treatment of T2DM and cardiac hypertrophy like it is being used for cancer in clinical trials. MicroRNAs (miRNAs) are single stranded (non-coding) of 20 to 22 nucleotides sequences which bind to their target mRNA upon the complimentary basis, to silence the protein expression at post transcriptional level. Bioinformatic databases are used like online mendelian inheritance in man (OMIM), gene testing registry (GTR), TargetScan and ShinyGO for validation of disease linked genes and sorting the common miRNAs in both diseases, such as miR-30-5p/ 101-3p.2/ 190-5p/ 506-3p/ 9-5p/ 128-3p/ 137/96-5p/ 7-5p/ 107/ 101-3p.1/ 98-5p/ 124-3p.2/ 124-3p.1/ 16-5p/ 15-5p/ 497-5p/ 424-5p/ 195-5p/ 1271-5p, let-7-5p. Aforementioned databases were also used for the miRNAs which have more than one disease linked genes target in each pathological condition. Such miRNAs for cardiac hypertrophy are: miR-19-3p/ 183-5p.2/ 153-3p/ 372-3p/ 302-3p/ 520-3p/ 373-3p/ 129-5p/ 144-3p/ 139-5p and for T2DM are: miR-27-3p/ 206/ 1-3p/ 181-5p. This finding would be helpful for the appropriate selection of miRNAs and to design applicable research project in future. It will require more validation by using the miRNAs expression analysis, mimic, and anti-miRNA approach to check their potential against cardiac hypertrophy and T2DM.

Keywords: miRNAs, type 2 diabetes mellitus, cardiac hypertrophy, nephropathy