

Resumen

Los estudios bioinformáticos, enfocados en el análisis diferencial de genes en modelos de ratones *Mus musculus* con fibrosis pulmonar, ofrecen una vía innovadora para comprender los mecanismos moleculares, identificar patrones de expresión génica y evaluar tratamientos, con el potencial de impulsar avances significativos en el manejo clínico y el desarrollo terapéutico de la enfermedad. El control de calidad y evaluación de duplicados garantiza la integridad de los datos de RNA-seq, respaldando la alta calidad de las muestras y el éxito del proceso de alineación. El análisis de expresión diferencial utilizando muestras de control y dos tratamientos: el primero con células mesenquimales humanas (hMSC) con nanopartículas de óxido de hierro (Fe-hMSC) y el segundo con células mesenquimales humanas (hMSC) con nanopartículas de óxido de hierro infundidas con pioglitazona (PgFe-hMSC), los cuales revelan más de 12,000 genes diferencialmente expresados de alta calidad. El análisis de expresión génica con DESeq2 revela relaciones diferenciales entre tratamientos, destacando la efectividad potencial del tratamiento 2 con PgFe-hMSC. Además, el enriquecimiento funcional, especialmente con respecto a la función molecular dentro de la ontología génica, y la significancia en la vía de transducción olfatoria sugieren mecanismos relevantes en la fibrosis pulmonar, respaldando la utilidad de las herramientas bioinformáticas para comprender la patología y la respuesta a tratamientos específicos.

Palabras Clave: fibrosis pulmonar, control de calidad, análisis de expresión diferencial, enriquecimiento funcional

Abstract

Bioinformatics holds immense potential in deciphering the complexities of diseases like pulmonary fibrosis, particularly through gene expression analysis in *Mus musculus* mouse models. This approach allows for a deeper understanding of molecular mechanisms, gene expression patterns, and treatment efficacy, driving advancements in clinical management and therapeutic development. Central to this progress is rigorous quality control and duplicate evaluation, ensuring the integrity of RNA-seq data and enabling seamless alignment. Through meticulous scrutiny, researchers extract valuable insights from vast genomic information. Differential expression analysis compares distinct treatments with control samples. Notably, treatments involving human mesenchymal cells (hMSC) infused with iron oxide nanoparticles (Fe-hMSC) and hMSCs infused with iron oxide nanoparticles and pioglitazone (PgFe-hMSCs) reveal over 12,000 differentially expressed genes, illuminating molecular dynamics in pulmonary fibrosis. Further analysis with tools like DESeq2 reveals nuanced treatment relationships, emphasizing personalized therapeutic approaches tailored to individual genetic signatures. Functional enrichment analysis, particularly in gene ontology molecular functions, highlights critical pathways like olfactory transduction. These insights deepen our understanding of pulmonary fibrosis and underscore bioinformatics' crucial role in disease elucidation and targeted interventions. This synergy between bioinformatics and experimental research signals a new era in precision medicine. Comprehensive genomic analyses pave the way for more effective therapeutic strategies, offering hope to those battling pulmonary fibrosis and other challenging diseases.

Keywords: pulmonary fibrosis, quality control, differential expression analysis, functional enrichment