Latin American Journal of Pharmacy
(formerly *Acta Farmacéutica Bonaerense)*
Lat. Am. J. Pharm. **40** (7): 1567-73 (2021)

Received: June 1, 2021
Accepted: June 5, 2021

Identification of Biomarkers for Development of Treatment for Diabetic Nephropathies through LncRNA-Protein Interactions

Qian FANG [1], Renuka SURAVAJHALA [2] & Purva BHALOTHIA [3] *

[1] *Department of Clinical Laboratory, The Third Affiliated Hospital of Xinxiang Medical University, Xinxiang City, Henan Province, 453000, China*

[2] *Manipal University Jaipur- 303007, Rajasthan, India*

[3] *Birla Institute of Scientific Research, Jaipur - 302001, Rajasthan, India*

***SUMMARY*. With the advent of next-generation sequencing technologies, a systematic analysis of genes implicated in adipose tissue pathology has gained tremendous importance in not only deciphering the knowledge behind diabetes but also diabetic nephropathies (DN). We have earlier developed a systems phenome-interactome map in diabetes, which constituted hubs for type-1 diabetes, obesity and type-2 diabetes. A large number of differentially expressed genes (DEGs) were known to be associated with various pathways where each of the traits under study including the intermediate phenotypes has a distinct set of genes forming the hubs. A few pathways such as glomerulosclerosis is subtly associated with adipose tissue pathophysiology besides causing DN. In this proposed mechanistic article, we decipher this association by performing an analysis through systems genomic study from available datasets and consider the top enriched genes for their role in DN and diabetes. The study used RNA-Seq and checked for datasets suitable lncRNAs and identified two bona fide lncRNAs as candidates for inferring with the proteins involved in DN.**

RESUMEN. Con el advenimiento de las tecnologías de secuenciación de próxima generación, un análisis sistemático de genes implicados en la patología del tejido adiposo ha ganado una enorme importancia no solo para descifrar el conocimiento detrás de la diabetes sino también las nefropatías diabéticas (ND). Anteriormente, hemos desarrollado un mapa de sistemas fenoma-interactoma en diabetes, que constituía ejes para la diabetes tipo 1, la obesidad y la diabetes tipo 2. Se sabía que un gran número de genes expresados diferencialmente (DEG) estaban asociados con varias vías en las que cada uno de los rasgos en estudio, incluidos los fenotipos intermedios, tiene un conjunto distinto de genes que forman los ejes. Algunas vías, como la glomeruloesclerosis, se asocian sutilmente con la fisiopatología del tejido adiposo además de causar ND. En este artículo mecanicista propuesto, desciframos esta asociación mediante la realización de un análisis a través del estudio genómico de sistemas a partir de conjuntos de datos disponibles y consideramos los principales genes enriquecidos por su papel en la DN y la diabetes. El estudio utilizó RNA-Seq y verificó conjuntos de datos de lncRNA adecuados e identificó dos lncRNA auténticos como candidatos para inferir con las proteínas implicadas en DN.

KEY WORDS: diabetes, diabetic nephropathy, differential expressed genes, long non-coding RNAs, protein interaction.

* Author to whom correspondence should be addressed. *E-mail:* shendaqing2019@gmail.com

ISSN 0326 2383 (printed ed.)
ISSN 2362-3853 (on line ed.)