

En el campo de la biología molecular, un perfil de expresión génica de una célula es una medida de la actividad (expresión) de miles de genes simultáneamente, para crear una imagen global de la función celular. Estos perfiles pueden, por ejemplo, distinguir entre células que se dividen activamente, o mostrar cómo las células reaccionan a un tratamiento particular. Muchos experimentos de este tipo analizan un genoma entero simultáneamente, es decir, cada gen presente en una célula en particular.

La tecnología de microarray mide la actividad relativa de genes objetivo identificados previamente. También se usan técnicas basadas en marcado, como el análisis en serie de la expresión génica (SAGE, SuperSAGE) para el perfilado de la expresión génica. Son más precisas y (especialmente SuperSAGE) pueden medir cualquier gen activo, no sólo un conjunto predefinido. Los microarrays son cada vez más comunes, se pueden conseguir comercialmente, y se cuentan por miles los artículos relacionados que pueden obtenerse mediante PubMed.

La secuenciación en profundidad es una alternativa emergente al perfilado génico por microarrays.

Por ejemplo el perfil de expresión génica identifica la tirosina quinasa c-Met como un mediador localizable de resistencia a la terapia antiangiogénica.

From:

<https://neurocirugiacontemporanea.es/wiki/> - **Neurocirugía Contemporánea ISSN 1988-2661**

Permanent link:

https://neurocirugiacontemporanea.es/wiki/doku.php?id=perfil_de_expresion_genica

Last update: **2025/05/04 00:01**

