

Predicción de genes de humano asociados a la respuesta a la infección del virus del dengue

Augusto Rey Luzuriaga Neira, Cristian Segura Lizarazo Ortega y Aldo Cabrera

Con el principal propósito de integrar aproximaciones computacionales para el estudio de la respuesta del humano a la infección por el virus del dengue se integró información de interacciones entre proteínas provenientes de 8 bases de datos. Posteriormente se construyeron redes de interacción individuales que se integraron en una más consistente por medio del algoritmo propuesto por Chua (*et al.* 2007), obteniéndose una lista conformada por más de 1.800 proteínas y cerca de 10.000 interacciones.

Mediante un análisis de contexto funcional de cada una de las proteínas de la red, se encontraron 238 proteínas con alta probabilidad de estar implicadas en la respuesta a la infección; estas proteínas están asociadas principalmente a rutas de señalización, respuesta a estrés y procesamiento de antígenos.

De forma individual se analizaron dos proteínas candidato MATK y DLD. MATK, es una tirosina cinasa asociada a megacariocitos cuya inactivación se ha comprobado que produce trombocitopenia en ratones; y DLD que es la dihidrolipoamida dehidrogenasa que conforma un complejo que participa en procesos metabólicos y dentro de la red un varios grupos de proteínas asociadas a distintos procesos.

En conclusión el método desarrollado permitió identificar proteínas candidato implicadas en la respuesta a la infección por el virus del dengue. En particular estas proteínas están asociadas a procesos tales como transducción de señales, procesamiento de antígenos y respuesta a estrés. Así, el análisis funcional de proteínas candidato como MATK y DLD podría ayudar a explicar la trombocitopenia y el componente autoinmune en casos graves de dengue.