

## **Lectura 11**

### **“The human disease network”**

Se han hecho muchos estudios que relacionan ciertos genes con ciertas enfermedades, aunque la mayoría de los estudios son sobre casos particulares. Usando toda esa información, se crea una red bipartita entre 1777 genes y 1284 enfermedades con base en si un gen propicia el desarrollo de cierta enfermedad.

Tomando como base esta red, se define una red de genes (DGN) y una red de enfermedades (HDN) con las adyacencias dadas si tiene un vecino en común en la red bipartita.

En la HDN, se notó que las enfermedades se agruparon en clusters. Los más grandes, como el del cáncer, incluyen gran variedad genética, como enfermedades precursoras. Pero tienen una ausencia de gran parte de las enfermedades, las cuáles forman sus propios clusters.

En ambas redes se notó que pequeño de la componente gigante. Esto muestra gran clustering entre enfermedades.

La primera hipótesis que se quiso probar con esta red es que genes en un mismo cluster afectan las mismas áreas funcionales. Para esto, se apoyó de una red de interacción de proteínas. Para esto, se midieron sus habilidades funcionales, su rol en el organismo y su localización en las células de las proteínas relacionando con genes en un mismo cluster. También se midió la homogeneidad de los tejidos que afectaban y sus coeficientes de correlación de Pearson. En todos los casos, resultó que los genes en el mismo cluster sí afectan las mismas funciones.

La segunda hipótesis que se quería corroborar era que genes involucrados con enfermedades en general son genes esenciales con papales importantes, como en la producción de proteínas activas (hubs). Resultó que hay pocos genes esenciales relacionados con enfermedades, pero estos pocos son muy activos. Los genes no esenciales relacionados con enfermedades suelen actuar de forma más aislada y no están relacionados con proteínas hub.

Una explicación para esto es que mutaciones en genes importantes se expresan fuertemente. De ser estas enfermedades, entonces el individuo tiene desventaja genética, y probablemente estos rasgos desaparezcan pronto.

Las únicas enfermedades que pueden perdurar son aquellas que afectan a los individuos de forma no esencial.

Usando datos extra, se verificó que la estructura general de la red no cambia, así que probablemente estos hallazgos sean válidos para el futuro.

## **Comentario**

Me parece impresionante que se tengan ya los recursos para analizar tan a fondo la relación entre genes y enfermedades.

Las redes proporcionan el marco de trabajo perfecto para entender las relaciones tan convolucionadas que hay en el funcionamiento biológico, y hay que aprovecharlas.

Esto abre la puerta a muchos trabajos que podrían beneficiar a mucha gente.