

Tecnología para pronosticar enfermedad tropical



Adriana Guerrero Navarro | Escuela de Ingeniería y Ciencias

Mónica Arreola | Escuela de Ingeniería y Ciencias

***Leishmaniasis* una enfermedad causada por la picadura de un mosquito.** De acuerdo con la Organización Mundial de la Salud ([WHO](#)), se desarrolla en las comunidades más pobres de los diferentes países. Esta enfermedad se asocia con desnutrición, el desplazamiento de la población, vivienda precaria, sistema inmunológico débil y falta de recursos. **Roberto Alejandro Cárdenas Ovando, egresado del doctorado en Ciencias de Ingeniería (DCI)** de la Escuela de Ingeniería y Ciencias (EIC) enfocó su tesis a la cepa mexicana de *Leishmaniasis*.

“Mi proyecto se basó en realizar una estrategia para la integración de información de esta enfermedad, que se presenta en el sureste de México. La información provino de un diseño experimental en series de tiempo y diferentes tecnologías genómicas a través de un modelo

gráfico probabilista. Las tecnologías utilizadas fueron micro arreglos de expresión de gen y de microARN” compartió Roberto Alejandro Cárdenas.

El propósito de este trabajo es comprender mejor la **dinámica de la enfermedad a través de un modelo** y proponer tratamientos.

La tesis titulada *Integrative and Multiplatform Hidden Markov model for time series analysis in genomics research using a Systems biology approach* fue asesorada por las profesoras Juana Julieta Noguez y Claudia Rangel Escareño. El propósito de este trabajo es comprender mejor la **dinámica de la enfermedad a través de un modelo** y proponer tratamientos. En especial porque es una enfermedad común en comidades marginadas en las cuales los diagnósticos pueden tomar más tiempo.

Deseo que salgan nuevas pruebas de diagnóstico de *Leishmaniasis* a partir de este estudio.

“Trabajé en este proyecto durante cinco años, por lo que deseo que salgan nuevas pruebas de diagnóstico de *Leishmaniasis* a partir de este estudio. Tenemos dos caminos para continuar y mejorar este proyecto, el primero sería aplicar la misma estrategia a otras enfermedades y la segunda optimizar esta misma estrategia con otros modelos estadísticos” concluyó.