

Entrenan una IA que predice la actividad interna de las células

Su utilización podría entregar información sobre cómo operan enfermedades como el cáncer, entre otras.

Agencia EFE

La inteligencia artificial está cambiando la investigación en los laboratorios de biología y biomedicina. Ahora, un equipo científico ha logrado crear un nuevo sistema capaz de predecir el funcionamiento interno de las células, lo que podría influir en la comprensión del cáncer y otras enfermedades.

Esta nueva inteligencia artificial (IA) trabaja de manera semejante a los modelos de lenguaje, como ChatGPT, que utilizan un conjunto de datos de entrenamiento para identificar las pautas subyacentes -la gramática del lenguaje y en el nuevo caso los estados y mecanismos celulares-, y luego aplicar esas reglas inferidas a nuevas situaciones.

Para esta ocasión, se ha entrando a un modelo de aprendizaje profundo, denominado GET, con datos de más de 1,3 millones de células de 213 tipos obtenidas de tejido hu-

“ Se está expandiendo el método a 50 millones de células y con aplicación a estudios de cánceres.

RÁUL RABADÁN
U. DE COLUMBIA

mano sano. Detrás de esta nueva IA hay científicos de la Universidad de Columbia, Estados Unidos, liderados por el español Raúl Rabadán, experto en biología de sistemas y genómica de cáncer.

Los detalles de GET (siglas en inglés de transformador general de expresión génica) se publicaron recientemente en la revista Nature y, tal y como confirma a EFE Rabadán, el algoritmo es público, está a disposición de toda la comunidad científica. “Estamos trabajando muy activamente en la siguiente versión de GET 2.0”.

“GET es el principio, mi grupo en Columbia está aho-

ra expandiendo el método a más de 50 millones de células, y con aplicaciones en el estudio de distintos cánceres (tumores de cerebro, linfomas, entre otros). Las aplicaciones son enormes”, recalca el investigador.

Las herramientas tradicionales de investigación en biología son buenas para revelar cómo las células realizan su trabajo o reaccionan ante las perturbaciones, pero no pueden predecir cómo funcionan las células o cómo responderían ante un cambio, como una mutación cancerígena.

“Tener la capacidad de predecir con exactitud las actividades de una célula transformaría nuestra comprensión de los procesos biológicos fundamentales”, afirma en un comunicado de Columbia el investigador, director del Programa de Genómica Matemática en la citada universidad.

En los últimos años, la acumulación de cantidades masivas de datos de células y modelos de IA potentes, como Al-



Se busca entender cómo se identifica la célula y de qué manera realiza diversas funciones.

phaFold de Google o ESMFold de Meta, diseñados para revelar la estructura de las proteínas, están empezando a transformar la biología en una ciencia más predictiva.

Para avanzar en este campo, Rabadán y su equipo diseñaron la nueva IA para

predecir qué genes están activos en células concretas. Esta información sobre la expresión génica -proceso por el que se obtienen proteínas a partir de genes- puede indicar la identidad de la célula y cómo realiza sus funciones.

“La expresión es como el

volumen de cada gen, unos están apagados y otros se expresan mucho; hay genes que se expresan mucho en una célula y poco en otra. Lo que GET aprende es la ‘gramática’ de qué genes se expresan en cada célula”, explica a EFE Rabadán.