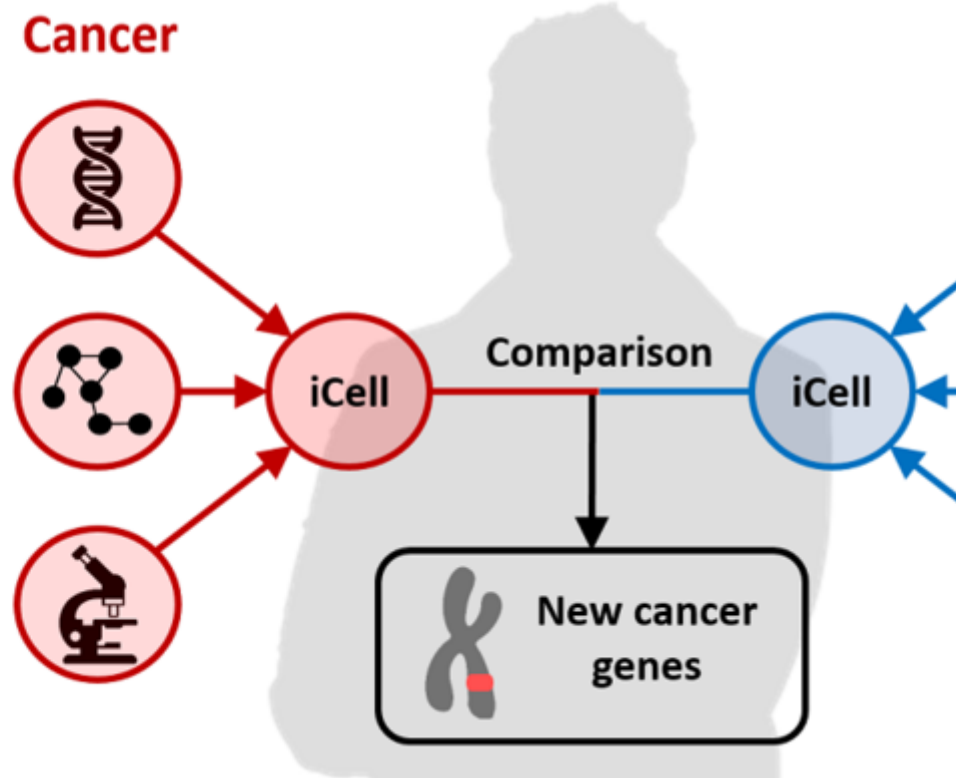


[Inici](#) > La intel·ligència artificial permet la identificació de nous gens relacionats amb el càncer

La intel·ligència artificial permet la identificació de nous gens relacionats amb el càncer

El mètode, publicat a la revista *Nature Communications*, ha estat biològicament provat en línies cel·lulars de càncer de mama, pròstata, pulmó i còlon, així com en anàlisis retrospectives de supervivència de milers de pacients.



S'han assenyalat 63 gens i l'experimentació ha confirmat que 36 d'ells contribueixen al creixement irregular de les cèl·lules.

El mètode computacional recrea les interaccions biològiques que tenen lloc en les nostres cèl·lules.

La investigadora del Barcelona Supercomputing Center-Centro Nacional de Supercomputación (BSC) **Nataša Pržulj** ha liderat la creació d'un nou mètode computacional basat en intel·ligència artificial que accelera la identificació de nous gens relacionats amb el càncer. El mètode i els seus resultats, que s'han provat biològicament, s'han publicat a [*Nature Communications*](#).

La Prof. **Pržulj** utilitza tècniques d'aprenentatge automàtic (*machine learning*) per relacionar grans quantitats de dades òmiques i les recrea en un prototip computacional, Integrated Cell (cèl·lula integrada) o iCell. Específicament, fusiona tres xarxes d'interacció molecular específiques de teixit: interacció proteïna-proteïna, coexpressió de gens i xarxes d'interacció genètica. La tècnica mitjançant la qual es realitza aquesta fusió és la Tri-Factorització de Matrius No Negativa, una tècnica de *machine learning* proposada originalment per a l'agrupació i la reducció de la dimensionalitat que s'ha utilitzat recentment per a la integració de dades.

Els autors de l'article de *Nature Communications* han aplicat aquest mètode per reconstruir cèl·lules de quatre dels tipus més comuns de càncer (mama, pròstata, pulmó i còlon) i en tots ells, ha demostrat ser útil per localitzar nous gens relacionats amb aquestes malalties. El mètode ha assenyalat 63 gens i un procés de validació biològica ha confirmat que almenys 36 d'ells contribueixen al creixement irregular de les cèl·lules. La validació s'ha dut a terme mitjançant experiments de desactivació de gens seguits de proves de viabilitat cel·lular i anàlisi de dades de supervivència del pacient.

L'experimentació va revelar, per exemple, que els pacients amb càncer de mama amb alta expressió de MRPL3, una proteïna ribosomal mitocondrial que no estava relacionada amb el càncer prèviament, tenen una menor supervivència. Aquest és un exemple de com es pot fer servir el nou mètode per descobrir nous gens biomarcadors, que poden ser rellevants en l'estratificació i predicció de la supervivència en pacients amb càncer.

Nataša Pržulj és professora ICREA i s'acaba d'incorporar al BSC com a líder del grup de Biologia Computacional Integrativa de Xarxes.

Alfonso Valencia, professor ICREA i director del Departament de Ciències de la Vida del BSC, afirma que "les iCells de Nataša complementen a la perfecció les nostres propostes d'anàlisi del genoma del càncer al BSC, i és només el primer dels molts mètodes computacionals sòlids que esperem veure desenvolupats pel seu nou grup en els propers anys".

La Prof. Pržulj destaca que aquest nou mètode per analitzar cèl·lules "permet la identificació de gens alterats en el càncer que no apareixen com alterats en cap altre tipus de dades. Aquest descobriment posa de manifest la importància dels enfocaments integratius per analitzar dades biològiques i aplanar el camí cap a anàlisis integratives comparatives de totes les cèl·lules".

Les possibles aplicacions d'aquest mètode van des del tractament d'altres malalties fins l'envelliment, amb l'objectiu final de descobrir els principis intrínsecs de l'organització interna de la vida a la Terra.

[Article: Towards data-integrated cell](#) - DOI: 10.1038 / s41467-019-08797-8

Barcelona Supercomputing Center - Centro Nacional de Supercomputación

Source URL (retrieved on 12 gen 2025 - 23:24): <https://www.bsc.es/ca/noticies/noticies-del-bsc/la-intel%C2%B7lig%C3%A8ncia-artificial-permet-la-identificaci%C3%B3-de-nous-gens-relacionats-amb-el-c%C3%A0ncer>