

ABSTRACT

El avance de la bioinformática y la inteligencia artificial (IA) está impulsando nuevas formas de analizar la organización y funcionalidad de los tejidos en el contexto de la enfermedad, permitiendo superar las limitaciones de los enfoques tradicionales y avanzar hacia una caracterización más precisa y contextualizada de los sistemas biológicos.

En esta ponencia, se explorará la transición metodológica desde los análisis moleculares poblacionales (bulk) hacia la vanguardia de la biología espacial. Utilizando el microambiente tumoral en inmuno-oncología como modelo de estudio, se analizará cómo el aprendizaje automático permite vislumbrar la complejidad del tejido: desde el uso de algoritmos de deconvolución para inferir la composición celular a partir de datos agregados, pasando por la resolución que aporta la transcriptómica de célula única (scRNA-seq) en la identificación de subpoblaciones y estados celulares, hasta alcanzar la integración espacial mediante transcriptómica y proteómica, que incorpora la dimensión arquitectónica del tejido.

Asimismo, se discutirán los retos asociados a la integración de datos multimodales y de alta dimensionalidad, así como las oportunidades que ofrece la IA para abordar estos desafíos mediante modelos predictivos. Este recorrido pone de manifiesto cómo las herramientas computacionales están transformando la investigación moderna, favoreciendo una aproximación más cuantitativa, reproducible y escalable.

En conjunto, la ponencia destacará el papel de la IA como herramienta clave para el análisis e integración de datos complejos, así como su contribución al avance de la ingeniería tisular, la histología digital y la medicina de precisión, abriendo nuevas vías para la investigación básica y traslacional.