

Inteligencia artificial y tecnologías estratégicas: oportunidades y desafíos en la era del Big Data

Artificial intelligence and strategic technologies: opportunities and challenges in the era of Big Data

Autores: DHOOGHE, Sabrina; FLORES GUIRADO, Ana Paula; BOFFELLI, Lucía; DUTTO, Jeremías; MACCIONI, Mariana; NUÑEZ, Nicolás Gonzalo

Filiación Institucional: Universidad Nacional de Córdoba. Facultad de Ciencias Químicas. Laboratorio de Inmunología Humana y Traslacional. CIBICI-CONICET. Córdoba, Argentina

Fecha de Recepción: Agosto de 2024

Fecha de Aceptación: Octubre de 2024

Contacto: nicolas.nunez@unc.edu.ar

Introducción

El avance de las tecnologías de la información y el desarrollo de Big Data e Inteligencia Artificial (IA) han transformado significativamente diversos campos, incluyendo la medicina y las ciencias de la salud. Este proyecto explora cómo Big Data e IA están redefiniendo el estudio y tratamiento de enfermedades complejas como el cáncer, enfermedades autoinmunes, y el desarrollo de vacunas. La integración de grandes volúmenes de datos genómicos, proteómicos, y clínicos mediante técnicas avanzadas de IA ha permitido avances en el descubrimiento de fármacos, la personalización de tratamientos y la mejora en los métodos de diagnóstico y monitoreo de pacientes. En particular, se exploran aplicaciones específicas en inmunología, donde tecnologías como la secuenciación de ARN de célula única (single-cell RNA sequencing, scRNA-seq), la citometría de flujo (fluorescence-activated cell sorting, FACS), y la indexación celular de transcriptomas y epítomos mediante secuenciación (Cellular Indexing of Transcriptomes and Epitopes by Sequencing, CITE-seq) están generando volúmenes masivos de datos que requieren análisis sofisticados para desentrañar mecanismos inmunológicos complejos. Finalmente, se discuten los retos y oportunidades futuras en la implementación de estas tecnologías, enfocándose en la necesidad de desarrollar marcos éticos, mejorar la interoperabilidad de datos, y garantizar la equidad en el acceso a estas innovaciones.

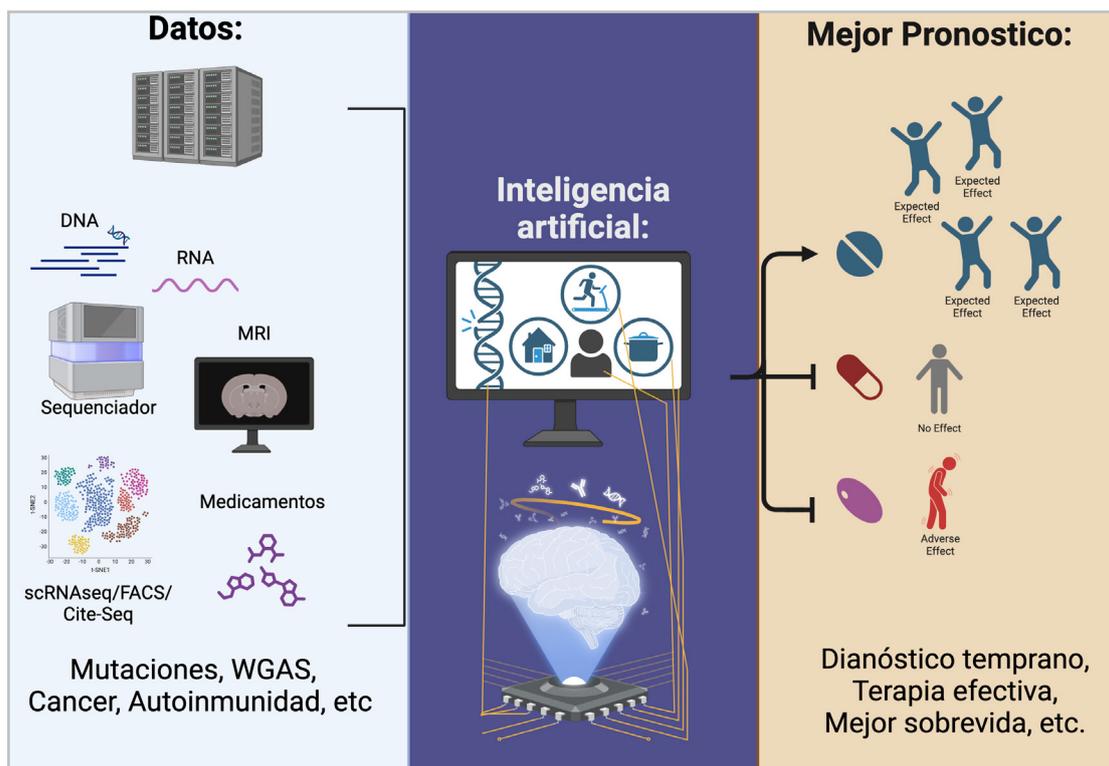


Figura 1

Integración de Big Data e Inteligencia Artificial para mejorar el pronóstico y tratamiento en medicina personalizada. Esta figura ilustra el flujo desde la recopilación de diversos conjuntos de datos biomédicos (incluyendo genómica, transcriptómica, imagen médica y datos clínicos), a través del procesamiento por Inteligencia Artificial (IA), hasta la obtención de mejores pronósticos y tratamientos personalizados. Se muestra cómo las tecnologías de análisis de célula única, como scRNA-seq FACS y CITE-seq, contribuyen a una comprensión más detallada a nivel celular. El procesamiento mediante IA, que incluye técnicas de aprendizaje profundo y aprendizaje automático, permite la integración y análisis de estos datos complejos. Los resultados se traducen en diagnósticos más tempranos, terapias más efectivas y tratamientos personalizados, mejorando así los pronósticos de los pacientes en diversas patologías como cáncer y enfermedades autoinmunes. (Creado con BioRender.com).

1. Big Data, Inteligencia Artificial y la Investigación Biomédica

1.1. ¿Qué es Big Data?

El término Big Data se refiere a conjuntos de datos que son demasiado grandes, rápidos o variados para ser manejados por métodos tradicionales. Douglas Laney, en su definición clásica, introdujo las "tres V" de Big Data: Volumen, Velocidad y Variedad (Laney, 2001). Por ejemplo, Big Data permite analizar en tiempo real los datos genómicos de miles de pacientes para identificar patrones que podrían ser pasados por alto con métodos tradicionales (Raghupathi and Raghupathi, 2014).

En la investigación biomédica, Big Data permite analizar sistemas biológicos complejos, facilitando la identificación de patrones y relaciones que serían imposibles de detectar con técnicas convencionales (Collins and Varmus, 2015). Estos tres aspectos de Big Data no solo facilitan la gestión de grandes cantidades de información, sino que también abren nuevas posibilidades para el análisis de dichos sistemas biológicos, lo que es fundamental en la investigación biomédica.

La parte "volumen" del Big Data se refiere a la cantidad masiva de datos generados. Por ejemplo,

en estudios genómicos se secuencian millones de fragmentos de ADN, generando terabytes de datos (Shendure et al., 2017). Estos datos pueden provenir de diversas fuentes, incluyendo secuencias de ADN, perfiles de expresión génica, datos de proteómica y datos de imágenes biomédicas.

La "velocidad" se refiere a la rapidez con la que se generan y procesan estos datos. En aplicaciones clínicas, donde los resultados rápidos pueden influir en decisiones de tratamiento, la capacidad de procesar datos en tiempo real es crucial (Laney, 2001). Por ejemplo, el análisis rápido de datos genómicos puede ser vital en contextos de diagnóstico y tratamiento de enfermedades infecciosas y cáncer.

La "variedad" indica la diversidad de tipos de datos que se pueden analizar. Esto incluye desde secuencias de ADN y perfiles de expresión génica hasta datos clínicos e imágenes. La integración de estos datos permite una comprensión más completa de los sistemas biológicos y facilita el descubrimiento de nuevas relaciones biológicas y biomarcadores.

1.2. ¿Qué es Inteligencia Artificial?

La inteligencia artificial (IA) se define como la capacidad de un sistema computacional para realizar tareas que, tradicionalmente, requerirían de la inteligencia humana, como el aprendizaje, el razonamiento y la toma de decisiones. En el contexto de Big Data, la IA juega un papel clave, ya que permite el análisis eficiente de grandes volúmenes de datos, identificando patrones y haciendo predicciones que serían imposibles de detectar mediante métodos tradicionales (Russell et al., 2020).

El aprendizaje profundo (*deep learning*), una subárea de la IA, ha demostrado ser especialmente eficaz en el análisis de Big Data. Como señalan LeCun y colaboradores (LeCun et al., 2015), las redes neuronales profundas pueden procesar grandes volúmenes de datos no estructurados, como imágenes y texto, y extraer patrones complejos, lo que es particularmente valioso en campos como la investigación biomédica.

La convergencia de Big Data e IA está revolucionando la medicina clínica. Obermeyer y Emanuel (Obermeyer and Emanuel, 2016) destacan cómo el aprendizaje automático, impulsado por grandes conjuntos de datos, está mejorando la capacidad de predecir resultados clínicos y personalizar tratamientos, abriendo nuevas posibilidades para la medicina de precisión.

2. Aplicaciones de Big Data e Inteligencia Artificial en el Estudio de Diferentes Patologías:

2.1. Medicina Personalizada en Cáncer: Uniando Tecnologías Avanzadas

En el estudio del cáncer, el análisis de Big Data tiene la capacidad de manejar y analizar grandes volúmenes de datos complejos y diversos, como secuencias genómicas, perfiles de expresión génica, datos clínicos e imágenes médicas. Esta integración de datos permite identificar mutaciones específicas en cada paciente que pueden ser objetivos terapéuticos clave (LeCun et al., 2015). Por otro lado, la IA, utiliza la aplicación de algoritmos y modelos avanzados que pueden aprender y tomar decisiones a partir de los datos.

En oncología, permite diseñar tratamientos más precisos, adaptados al perfil genético y molecular específico de cada paciente, lo que maximiza la eficacia de las terapias y minimiza efectos secundarios. La IA no solo facilita la identificación de mutaciones, sino que también optimiza el análisis de datos genómicos y clínicos a gran escala. Esto ha dado lugar a la identificación de nuevos biomarcadores, moléculas que indican la presencia o progresión de la enfermedad, lo que permite el desarrollo de terapias dirigidas con una mayor precisión (Topol, 2019).

Además, el uso de IA en la interpretación de imágenes médicas ha revolucionado la forma en que

los médicos pueden detectar y monitorear tumores, mejorando la capacidad de realizar un diagnóstico temprano y preciso (Esteve et al., 2019).

La implementación de estas tecnologías en la medicina personalizada ha mostrado resultados prometedores, particularmente en oncología, donde la capacidad de predecir respuestas a tratamientos y el curso de la enfermedad se ha mejorado significativamente (Shah et al., 2019). Esto no solo mejora la supervivencia de los pacientes, sino que también contribuye a una mejor calidad de vida al reducir los efectos secundarios asociados con tratamientos menos específicos.

En la última década, la inmunoterapia ha revolucionado el tratamiento del cáncer, abriendo nuevas posibilidades para la lucha contra los tumores. Uno de los avances más importantes en este campo son los inhibidores de puntos de control inmunitarios (ICIs). Estos tratamientos actúan como una especie de "desbloqueador" para el sistema inmunitario, permitiendo atacar de manera más eficaz a las células cancerosas. Básicamente, los ICIs bloquean ciertas proteínas, presentes en las células cancerosas que suelen mantener a las células T en reposo, lo que hace que el sistema inmunitario se active y combata mejor el cáncer (Herbst et al., 2014), (Nuñez et al., 2023). La IA está jugando un papel clave en la personalización de estos tratamientos. Al analizar grandes cantidades de datos de pacientes que reciben estos inhibidores, los algoritmos de aprendizaje automático pueden identificar patrones y biomarcadores que predicen cómo responderá cada paciente al tratamiento. Por ejemplo, al examinar datos de secuenciación de ARN mensajero en células individuales, se puede encontrar señales específicas que indican si un paciente responderá bien o no a la inmunoterapia (Yofe et al., 2020). Los recientes avances en modelos de IA para patología computacional están abriendo nuevas posibilidades para la medicina personalizada en cáncer. En tumores sólidos, se han implementado determinados modelos que representan un salto cualitativo en la capacidad de analizar e interpretar imágenes histopatológicas. Por ejemplo, un modelo de visión por computadora entrenado en más de 100 millones de parches de tejido ha demostrado una precisión excepcional en múltiples tareas clínicas de patología, incluyendo la clasificación de hasta 108 tipos de cáncer (Chen et al., 2024). Estos avances en IA aplicada a la patología digital están permitiendo una mejora significativa en la capacidad de analizar e interpretar imágenes de tejidos cancerosos.

Estos nuevos enfoques no solo aumentan la precisión diagnóstica, sino que también ofrecen herramientas innovadoras para comprender mejor los patrones tumorales. Además, estas tecnologías permiten realizar análisis detallados con menos datos, lo cual es crucial en casos de cánceres poco comunes (Chen et al., 2024; Lu et al., 2024).

La integración de estas tecnologías con datos genómicos y clínicos tiene el potencial de revolucionar el diagnóstico, clasificación y tratamiento del cáncer, llevando la medicina personalizada a un nivel de precisión y eficacia sin precedentes. Esto no solo permite anticiparse a la evolución de la enfermedad, sino que también facilita la elección de la mejor estrategia de tratamiento para cada paciente, mejorando así los resultados clínicos y la calidad de vida.

2.2. Enfermedades Autoinmunes

El Big Data juega un papel esencial en el estudio de enfermedades autoinmunes. Al analizar grandes conjuntos de datos clínicos, genómicos y de imagen, los investigadores pueden identificar patrones y factores de riesgo que contribuyen al desarrollo de estas enfermedades. Por ejemplo, estudios de asociación del genoma completo (GWAS) han identificado variantes genéticas asociadas con enfermedades como la artritis reumatoide y el lupus eritematoso sistémico (Ishigaki et al., 2022).

El aprendizaje automático (*machine learning, ML*) una rama de la IA, se enfoca en desarrollar algoritmos capaces de aprender a partir de los datos y mejorar su desempeño con el tiempo sin necesidad de programación explícita para cada tarea.

Estos algoritmos pueden identificar patrones y hacer predicciones basadas en grandes volúmenes de datos. Una revisión sistemática reciente identificó 169 estudios que aplicaron técnicas de IA/ML a enfermedades autoinmunes, con un enfoque particular en esclerosis múltiple, artritis reumatoide y enfermedad inflamatoria intestinal (Stafford et al., 2020).

Estas tecnologías se están utilizando para múltiples aplicaciones:

- **Diagnóstico:** Los modelos de ML, entrenados con datos genómicos de pacientes con enfermedades autoinmunes e individuos sanos, pueden diferenciar entre ellos o incluso distinguir entre enfermedades con síntomas similares (Lin et al., 2015).
- **Predicción de riesgo:** Algoritmos avanzados pueden identificar individuos con alto riesgo de desarrollar enfermedades autoinmunes, permitiendo intervenciones preventivas tempranas (Wei et al., 2013).
- **Pronóstico y respuesta al tratamiento:** con estas herramientas se puede predecir la progresión de la enfermedad y la respuesta a terapias específicas, facilitando la medicina personalizada (Jiang et al., 2017).

No obstante, persisten desafíos que deben ser abordados. La validación rigurosa de los modelos y la integración de múltiples tipos de datos son áreas clave de mejora (Stafford et al., 2020). Además, la interpretabilidad de los modelos de IA complejos sigue siendo un reto importante para su aplicación clínica (Rudin, 2019).

A pesar de estos obstáculos, el potencial del Big Data y la IA en el campo de las enfermedades autoinmunes es enorme. Estos avances no solo están mejorando nuestra comprensión de estas complejas enfermedades, sino que también prometen llevar a nuevas terapias dirigidas, estrategias de prevención y, en última instancia, a una atención más personalizada para los pacientes.

2.3. Big Data. Vacunas y la Inteligencia Artificial

La IA está transformando la forma en que entendemos y optimizamos la respuesta a las vacunas. El análisis de grandes volúmenes de datos mediante modelos predictivos basados en IA permite identificar factores que afectan la eficacia y seguridad de las vacunas. Esto no solo ayuda a afinar las dosis y los esquemas de vacunación, sino que también acelera el desarrollo de nuevas vacunas y mejora su rendimiento (Zhang et al., 2023, <https://www.dw.com/es/inteligencia-artificial-produce-vacunas-superpotentes-contracovid-19/a-65505678>).

En el contexto de las vacunas, el uso de IA fue fundamental para identificar posibles tratamientos y desarrollar nuevas vacunas en un tiempo récord (Zhang et al., 2023). Los algoritmos de IA facilitaron el descubrimiento y la reutilización de fármacos, acelerando la identificación de candidatos prometedores para ensayos clínicos. Además, las intervenciones de salud pública, como la evaluación de riesgos basada en IA, ayudaron a optimizar la distribución de vacunas y a priorizar a las poblaciones más vulnerables.

Durante la pandemia de COVID-19, la combinación de Big Data e IA jugó un papel clave en varias etapas del manejo de la crisis. A corto plazo, estas tecnologías permitieron la detección rápida y efectiva de la pandemia. Un ejemplo destacado es BlueDot, un startup con sede en Toronto que utiliza un sistema de vigilancia mejorado por IA.

Este sistema analiza grandes volúmenes de datos, como informes de noticias, redes sociales y datos de transporte aéreo, para identificar posibles brotes de enfermedades. Gracias a esta tecnología, BlueDot fue capaz de detectar el brote de COVID-19 antes de que fuera oficialmente reconocido por las autoridades sanitarias (Bragazzi et al., 2020).

Además, la monitorización en tiempo real y la visualización de la propagación del virus fueron

posibles gracias al análisis de Big Data, lo que facilitó respuestas más ágiles por parte de los gobiernos y sistemas de salud.

No obstante, este enfoque también presenta desafíos. La precisión de los datos, la protección de la privacidad y el desarrollo de protocolos estandarizados para el intercambio de información durante emergencias son cuestiones críticas que deben abordarse. Aunque el potencial de la IA y Big Data en la gestión de crisis sanitarias es enorme, es necesario continuar investigando para resolver las preocupaciones éticas y prácticas que estas tecnologías plantean (Bragazzi et al., 2020).

2.4. Otras Enfermedades

Además del cáncer y las enfermedades autoinmunes, el Big Data y IA tienen aplicaciones significativas en una amplia gama de otras enfermedades. En el ámbito de las enfermedades cardiovasculares, el análisis de grandes volúmenes de datos provenientes de imágenes médicas, registros electrónicos de salud y datos genómicos permite la identificación de biomarcadores y factores de riesgo. Esto no solo facilita la detección temprana de afecciones cardíacas, sino que también guía el desarrollo de tratamientos personalizados, adaptados a las características individuales de cada paciente. Por ejemplo, la integración de datos genéticos con registros clínicos ha permitido predecir la aparición de enfermedades cardíacas y desarrollar estrategias de prevención más efectivas (Khera et al., 2018; Topol, 2019).

En el caso de las enfermedades infecciosas, el Big Data se ha convertido en una herramienta esencial para la vigilancia y el seguimiento de brotes. La capacidad de analizar datos en tiempo real, como patrones de movilidad humana, datos epidemiológicos y secuencias genómicas de patógenos, permite una respuesta más rápida y coordinada ante brotes epidémicos (Agrebi and Larbi, 2020), (Wong et al., 2019).

En conjunto, estas aplicaciones de Big Data y IA en enfermedades cardiovasculares e infecciosas no solo mejoran la precisión y la eficacia de los tratamientos, sino que también permiten una gestión más proactiva y personalizada de la salud, lo que en última instancia puede mejorar los resultados clínicos y reducir la carga de estas enfermedades en la población.

3. Aplicaciones Recientes de Inteligencia Artificial en la Salud

La IA está transformando radicalmente el campo de la salud, impulsando avances que van desde el descubrimiento de fármacos hasta la personalización de tratamientos en inmunología. A continuación, se exploran algunas de las aplicaciones más destacadas de la IA en la medicina moderna, que están cambiando la manera en que se diagnostican y tratan las enfermedades.

3.1. Descubrimiento de Fármacos

La IA ha revolucionado el descubrimiento y desarrollo de fármacos, reduciendo drásticamente el tiempo necesario para identificar compuestos terapéuticos. Un ejemplo notable es el trabajo de Insilico Medicine, que en 2020 logró identificar un nuevo fármaco para la fibrosis pulmonar en solo 46 días utilizando su plataforma de IA (<https://www.genengnews.com/topics/artificial-intelligence/insilicos-ai-candidate-for-ipf-doses-first-patient-in-phase-ii/>).

También han crecido el número de herramientas que utilizan IA, como es el caso de NeuralPLexer que predice estructuras de proteínas y sus interacciones con ligandos. Esta capacidad de predecir estructuras tridimensionales es crucial para el diseño de fármacos, ya que permite entender cómo interactúan las proteínas con otras moléculas y diseñar tratamientos más efectivos (Qiao et al., 2024). Estos enfoques aceleran significativamente el proceso de descubrimiento de fármacos, que tradicionalmente puede llevar años.

3.2. Asistencia en Cirugía

La IA también está mejorando la precisión y eficiencia de las intervenciones quirúrgicas. Los sistemas robóticos asistidos por IA, como el Da Vinci Surgical System, permiten a los cirujanos realizar procedimientos complejos con mayor precisión. Estos sistemas proporcionan una visualización en 3D de alta definición y utilizan algoritmos de IA para guiar los movimientos del cirujano, reduciendo el riesgo de errores y mejorando los resultados quirúrgicos (ASC), (Intuitive).

3.3. Diagnóstico por imágenes

El diagnóstico por imágenes creció de manera agigantada, tras la aplicación de la IA a la dinámica de las imágenes. Por ejemplo, SimBioSys ha desarrollado TumorSight™, una plataforma de medicina de precisión digital que ofrece visualizaciones espaciales tridimensionales de tumores utilizando imágenes médicas estándar. Esta tecnología permite a los clínicos comprender mejor el cáncer de sus pacientes y planificar tratamientos personalizados. TumorSight™ ha recibido la aprobación de la FDA y se utiliza para mejorar la precisión en el tratamiento del cáncer de mama, proporcionando información detallada sobre el tumor y sus relaciones anatómicas (<https://simbiosys.com/>).

3.4. Monitoreo Remoto de Pacientes

La IA está siendo implementada en dispositivos de monitoreo remoto para pacientes con enfermedades crónicas. Por ejemplo, sistemas de IA integrados en dispositivos portátiles pueden monitorizar constantemente los signos vitales de los pacientes y alertar a los profesionales de la salud ante cualquier anomalía (Shaik et al., 2023). Esto es especialmente útil para pacientes con condiciones como insuficiencia cardíaca y diabetes, permitiendo una intervención temprana y mejorando el manejo de la enfermedad (Steinhubl et al., 2015).

3.5. Aplicaciones en Inmunología

En el campo de la inmunología, Big Data y IA están revolucionando la manera en que entendemos y manipulamos la respuesta inmune. El análisis de grandes volúmenes de datos puede ayudar a identificar patrones en la respuesta inmune a diferentes patógenos o tratamientos, proporcionando perspectivas valiosas que guían el desarrollo de vacunas y terapias inmunológicas. Uno de los avances significativos en inmunología es el uso de datos de secuenciación de células individuales para revelar nuevas subpoblaciones de células inmunitarias y sus roles en la respuesta inmune. Este tipo de análisis permite una comprensión más detallada de cómo diferentes tipos de células inmunitarias interactúan y responden a infecciones o tratamientos, lo cual es fundamental para el desarrollo de inmunoterapias y vacunas personalizadas (Stoekius et al., 2018).

El análisis de datos a gran escala también facilita la identificación de biomarcadores que pueden predecir cómo un individuo responderá a ciertos tratamientos inmunológicos. Por ejemplo, el uso de IA para analizar datos de expresión génica y proteómica ha permitido identificar biomarcadores asociados con la respuesta a terapias inmunológicas, como los inhibidores de puntos de control inmunitarios utilizados en el tratamiento del cáncer (Mann et al., 2021; Rizvi et al., 2015).

Además, la integración de datos de múltiples fuentes, como perfiles de expresión génica, datos clínicos y resultados de ensayos inmunológicos, permite una visión más holística de la respuesta inmune.

Esto es particularmente útil en la identificación de nuevos objetivos terapéuticos y en la optimización de estrategias de vacunación. La IA ayuda a modelar cómo diferentes factores, como las variantes genéticas individuales y las características del patógeno, influyen en la eficacia de una vacuna (Aslam and Yue, 2022).

En resumen, las aplicaciones de Big Data e IA en inmunología no solo avanzan nuestra comprensión de la respuesta inmune, sino que también mejoran el diseño y la eficacia de las terapias inmunológicas y las vacunas. Estos avances están permitiendo un enfoque más personalizado y preciso en el tratamiento de enfermedades inmunológicas y en la prevención de infecciones.

3.5.1. Estudios de célula única: Big Data en Inmunología y Nuevas Fronteras.

En el contexto tumoral, en pacientes con cáncer, se solían obtener biopsias y generar análisis centrados en el promedio de muchas células, lo que se conoce como “bulk”. Este enfoque, aunque útil, mezclaba células inmunes con cancerosas, lo que podía ocultar la variabilidad y diversidad inherente entre células individuales. Sin embargo, los avances recientes en tecnología han permitido una revolución en este campo: el análisis de célula única. Esta técnica emergente se basa en la capacidad de estudiar células de manera individual, proporcionando una visión más detallada y precisa de la biología celular. El análisis de célula única implica el aislamiento y la evaluación de células individuales para entender su comportamiento y características específicas. Utilizando herramientas avanzadas como la secuenciación de ARN de célula única (*single-cell RNA sequencing, scRNA-seq*) y la citometría de flujo de célula única (*fluorescence-activated cell sorting, FACS*) se pueden desentrañar las complejidades de la variabilidad celular que a menudo quedan ocultas en estudios que analizan promedios de grandes poblaciones celulares. De esta forma se puede obtener mucha información de cada una de las células que componen al tumor, y a su vez la integración de estos datos de célula única con técnicas de Big Data permite identificar patrones y correlaciones que pueden guiar el desarrollo de terapias personalizadas y mejorar nuestra comprensión de los mecanismos detrás de diversas enfermedades. Por ejemplo, al analizar grandes volúmenes de datos genómicos y transcriptómicos de células individuales dentro de un tumor, los científicos pueden descubrir subpoblaciones celulares raras que pueden ser responsables de la resistencia a tratamientos. Esta información es crucial para diseñar estrategias terapéuticas más efectivas y personalizadas para cada paciente. Tecnologías de célula única:

- **Single Cell Proteomics:** FACS es una técnica que permite el análisis de proteínas en células individuales utilizando anticuerpos marcados con fluorocromos. Esto proporciona información detallada sobre la expresión de proteínas y la identificación de diferentes tipos celulares dentro de una muestra.
- **Single Cell Transcriptomics:** La secuenciación de scRNA-seq permite el análisis de la expresión génica en células individuales. Esta técnica ha sido fundamental para descubrir nuevas subpoblaciones celulares y comprender los mecanismos moleculares en diversas condiciones biológicas (Tang et al., 2009).
- **Combinaciones de Técnicas:** la indexación celular de transcriptomas y epítomos mediante secuenciación (*Cellular Indexing of Transcriptomes and Epitopes by Sequencing, CITE-seq*) combina la secuenciación de ARN y la citometría de flujo en células individuales, permitiendo una caracterización más completa de las células. *CITE-seq* utiliza anticuerpos conjugados con oligonucleótidos para cuantificar simultáneamente la abundancia de ARN y proteínas de superficie (Hao et al., 2021; Stoekius et al., 2018).

La combinación de estas tecnologías proporciona una visión multidimensional de las células, mejorando nuestra capacidad para identificar y caracterizar subpoblaciones celulares en estudios de inmunoterapia y respuesta a vacunas (Hao et al., 2021; Stoekius et al., 2018).

4. Retos y Oportunidades Futuras

La adopción de Big Data e Inteligencia Artificial en el ámbito de la salud, aunque prometedora, enfrenta varios desafíos que deben ser abordados para maximizar su impacto positivo. Uno de los principales retos es el desarrollo de marcos éticos que guíen el uso responsable de estas tecnologías, garantizando la privacidad y la seguridad de los datos de los pacientes. Además, la falta de interoperabilidad entre diferentes sistemas de salud y la heterogeneidad de los datos impiden una integración fluida y eficiente, lo que limita el potencial de las herramientas de IA (Davenport and Kalakota, 2019). La equidad en el acceso a estas tecnologías también es un desafío crítico, ya que existe el riesgo de ampliar las brechas en la atención sanitaria entre diferentes poblaciones si no se toman medidas adecuadas. Sin embargo, estas dificultades también presentan oportunidades significativas. El desarrollo de estándares globales para la interoperabilidad de datos y la colaboración internacional en la investigación pueden acelerar el avance de estas tecnologías (Davenport and Kalakota, 2019). Asimismo, la innovación en IA puede abrir nuevas vías para personalizar los tratamientos médicos y mejorar los resultados de salud a nivel global. Con un enfoque adecuado, Big Data e Inteligencia Artificial tienen el potencial de transformar radicalmente el panorama de la salud, haciendo que la atención médica sea más efectiva, accesible y equitativa para todos. (Collins and Varmus, 2015; Obermeyer and Emanuel, 2016; Topol, 2019)

Referencias Bibliográficas

- Agrebi, S., and Larbi, A. (2020). Chapter 18- Use of artificial intelligence in infectious diseases. D.B.T.-A.I. in P.H. Barh, ed. (Academic Press), pp. 415–438.
- Aslam, F., and Yue, Y. (2022). Big data analytics and COVID-19 vaccine. *Comput. Methods Programs Biomed. Updat.* 2, 100062.
- Bragazzi, N.L., Dai, H., Damiani, G., Behzadifar, M., Martini, M., and Wu, J. (2020). How Big Data and Artificial Intelligence Can Help Better Manage the COVID-19 Pandemic. *Int. J. Environ. Res. Public Health* 17.
- Chen, R.J., Ding, T., Lu, M.Y., Williamson, D.F.K., Jaume, G., Song, A.H., Chen, B., Zhang, A., Shao, D., Shaban, M., et al. (2024). Towards a general-purpose foundation model for computational pathology. *Nat. Med.* 30, 850–862.
- Collins, F.S., and Varmus, H. (2015). A new initiative on precision medicine. *N. Engl. J. Med.* 372, 793–795.
- Davenport, T., and Kalakota, R. (2019). The potential for artificial intelligence in healthcare. *Futur. Healthc. J.* 6, 94–98.
- Esteva, A., Robicquet, A., Ramsundar, B., Kuleshov, V., DePristo, M., Chou, K., Cui, C., Corrado, G., Thrun, S., and Dean, J. (2019). A guide to deep learning in healthcare. *Nat. Med.* 25, 24–29.
- Hao, Y., Hao, S., Andersen-Nissen, E., Mauck, W.M., Zheng, S., Butler, A., Lee, M.J., Wilk, A.J., Darby, C., Zager, M., et al. (2021). Integrated analysis of multimodal single-cell data. *Cell* 184, 3573–3587.e29.
- Herbst, R.S., Soria, J.-C., Kowanetz, M., Fine, G.D., Hamid, O., Gordon, M.S., Sosman, J.A., McDermott, D.F., Powderly, J.D., Gettinger, S.N., et al. (2014). Predictive correlates of response to the anti-PD-L1 antibody MPDL3280A in cancer patients. *Nature* 515, 563–567.
- Ishigaki, K., Sakaue, S., Terao, C., Luo, Y., Sonehara, K., Yamaguchi, K., Amariuta, T., Too, C.L., Laufer, V.A., Scott, I.C., et al. (2022). Multi-ancestry genome-wide association analyses identify novel genetic mechanisms in rheumatoid arthritis. *Nat. Genet.* 54, 1640–1651.
- Jiang, F., Jiang, Y., Zhi, H., Dong, Y., Li, H., Ma, S., Wang, Y., Dong, Q., Shen, H., and Wang, Y. (2017). Artificial intelligence in healthcare: past, present and future. *Stroke Vasc. Neurol.* 2, 230–243.
- Laney, D. (2001). 3D data management: Controlling data volume, velocity and variety. *META Gr. Res. Note* 6, 1.
- LeCun, Y., Bengio, Y., and Hinton, G. (2015). Deep learning. *Nature* 521, 436–444.
- Lin, C., Karlson, E.W., Dligach, D., Ramirez, M.P., Miller, T.A., Mo, H., Braggs, N.S., Cagan, A., Gainer, V., Denny, J.C., et al. (2015). Automatic identification of methotrexate-induced liver toxicity in patients with rheumatoid arthritis from the electronic medical record. *J. Am. Med. Inform. Assoc.* 22, e151–61.
- Lu, M.Y., Chen, B., Williamson, D.F.K., Chen, R.J., Liang, I., Ding, T., Jaume, G., Odintsov, I., Le, L.P., Gerber, G., et al. (2024). A visual-language foundation model for computational pathology. *Nat. Med.* 30, 863–874.

- Mann, M., Kumar, C., Zeng, W.-F., and Strauss, M.T. (2021). Artificial intelligence for proteomics and biomarker discovery. *Cell Syst.* 12, 759–770.
- Nuñez, N.G., Berner, F., Friebel, E., Unger, S., Wyss, N., Gomez, J.M., Purde, M.-T., Niederer, R., Porsch, M., Lichtensteiger, C., et al. (2023). Immune signatures predict development of autoimmune toxicity in patients with cancer treated with immune checkpoint inhibitors. *Med (New York, N.Y.)* 4, 113-129.e7.
- Obermeyer, Z., and Emanuel, E.J. (2016). Predicting the Future - Big Data, Machine Learning, and Clinical Medicine. *N. Engl. J. Med.* 375, 1216–1219.
- Qiao, Z., Nie, W., Vahdat, A., Miller, T.F., and Anandkumar, A. (2024). State-specific protein–ligand complex structure prediction with a multiscale deep generative model. *Nat. Mach. Intell.* 6, 195–208.
- Raghupathi, W., and Raghupathi, V. (2014). Big data analytics in healthcare: promise and potential. *Heal. Inf. Sci. Syst.* 2, 3.
- Rizvi, N.A., Hellmann, M.D., Snyder, A., Kvistborg, P., Makarov, V., Havel, J.J., Lee, W., Yuan, J., Wong, P., Ho, T.S., et al. (2015). Cancer immunology. Mutational landscape determines sensitivity to PD-1 blockade in non-small cell lung cancer. *Science* 348, 124–128.
- Rudin, C. (2019). Stop explaining black box machine learning models for high stakes decisions and use interpretable models instead. *Nat. Mach. Intell.* 1, 206–215.
- Russell, S.J., Russell, S., and Norvig, P. (2020). *Artificial Intelligence: A Modern Approach* (Pearson).
- Shah, P., Kendall, F., Khozin, S., Goosen, R., Hu, J., Laramie, J., Ringel, M., and Schork, N. (2019). Artificial intelligence and machine learning in clinical development: a translational perspective. *Npj Digit. Med.* 2, 69.
- Shaik, T., Tao, X., Higgins, N., Li, L., Gururajan, R., Zhou, X., and Acharya, U.R. (2023). Remote patient monitoring using artificial intelligence: Current state, applications, and challenges. *Wiley Interdiscip. Rev. Data Min. Knowl. Discov.* 13, e1485.
- Shendure, J., Balasubramanian, S., Church, G.M., Gilbert, W., Rogers, J., Schloss, J.A., and Waterston, R.H. (2017). DNA sequencing at 40: past, present and future. *Nature* 550, 345–353.
- Stafford, I.S., Kellermann, M., Mossotto, E., Beattie, R.M., MacArthur, B.D., and Ennis, S. (2020). A systematic review of the applications of artificial intelligence and machine learning in autoimmune diseases. *Npj Digit. Med.* 3, 30.
- Steinhubl, S.R., Muse, E.D., and Topol, E.J. (2015). The emerging field of mobile health. *Sci. Transl. Med.* 7, 283rv3-283rv3.
- Stoeckius, M., Zheng, S., Houck-Loomis, B., Hao, S., Yeung, B.Z., Mauck, W.M., Smibert, P., and Satija, R. (2018). Cell Hashing with barcoded antibodies enables multiplexing and doublet detection for single cell genomics. *Genome Biol.* 19, 1–12.
- Tang, F., Barbacioru, C., Wang, Y., Nordman, E., Lee, C., Xu, N., Wang, X., Bodeau, J., Tuch, B.B., Siddiqui, A., et al. (2009). mRNA-Seq whole-transcriptome analysis of a single cell. *Nat. Methods* 6, 377–382.
- Topol, E.J. (2019). High-performance medicine: the convergence of human and artificial intelligence. *Nat. Med.* 25, 44–56.
- Wei, Z., Wang, W., Bradfield, J., Li, J., Cardinale, C., Frackelton, E., Kim, C., Mentch, F., Van Steen, K., Visscher, P.M., et al. (2013). Large sample size, wide variant spectrum, and advanced machine-learning technique boost risk prediction for inflammatory bowel disease. *Am. J. Hum. Genet.* 92, 1008–1012.
- Wong, Z.S.Y., Zhou, J., and Zhang, Q. (2019). Artificial Intelligence for infectious disease Big Data Analytics. *Infect. Dis. Heal.* 24, 44–48.
- Yofe, I., Dahan, R., and Amit, I. (2020). Single-cell genomic approaches for developing the next generation of immunotherapies. *Nat. Med.* 26, 171–177.
- Zhang, H., Zhang, L., Lin, A., Xu, C., Li, Z., Liu, K., Liu, B., Ma, X., Zhao, F., Jiang, H., et al. (2023). Algorithm for optimized mRNA design improves stability and immunogenicity. *Nature* 621, 396–403.

Para citación de este artículo: DHOOGÉ, Sabrina; FLORES GUIRADO, Ana Paula; BOFFELLI, Lucia; DUTTO, Jeremías; MACCIONI, Mariana; NUÑEZ, Nicolás Gonzalo (2024) "Inteligencia Artificial y Tecnologías Estratégicas: Oportunidades y Desafíos en la Era del Big Data", en Revista Bitácora Digital Volumen 11. N° 15 Pp. 42-51 (FCQ-UNC) Córdoba, Argentina.



Esta obra está bajo una licencia de Creative Commons Reconocimiento- NoComercial - 4.0 Internacional.