

CompGen-Inc

Identificación del papel de los lncRNAs en procesos de **compensación de dosis génica** mediados por **miRNAs**



EQUIPO DE TRABAJO



Dra. Cindy Calderón Arce
(Escuela de Matemática, ITCR)
– *Coordinadora del proyecto*



Dr. Juan Luis Crespo Mariño
(Escuela de Ingeniería en Mecatrónica, ITCR)



Dr. Rodrigo Mora Rodríguez
(Laboratorio de Quimiosensibilidad Tumoral, UCR)


Comprendiendo mecanismos ocultos de **regulación genética** asociados al **cáncer**

TEC | Tecnológico de Costa Rica



UCR
UNIVERSIDAD DE COSTA RICA



 Bases de datos especializadas

 Herramientas bioinformáticas

 Modelos computacionales

Descripción general



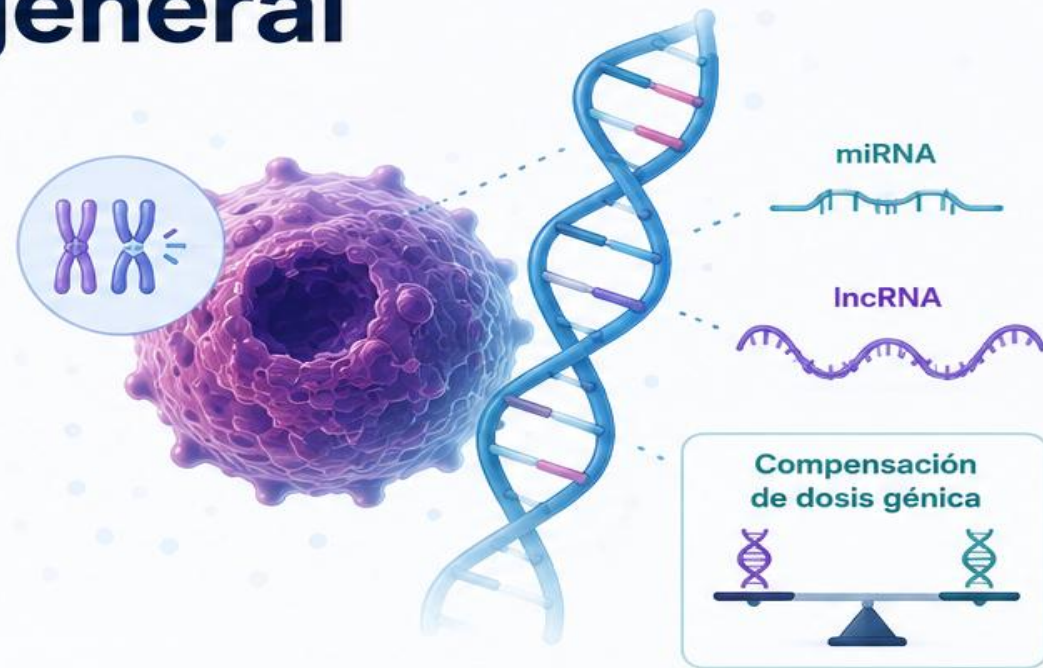
Las células cancerosas presentan **alteraciones genéticas** que les permiten sobrevivir y multiplicarse de manera descontrolada. Existe un mecanismo llamado "**compensación de dosis génica**" que les permite a estas células mantenerse estables, ayudándoles a proliferarse y a evadir tratamientos.



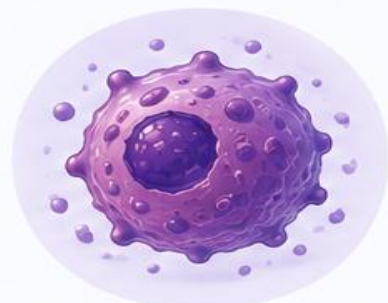
Este proyecto estudia cómo diferentes moléculas reguladoras del ADN, particularmente **miRNA** y **lncRNA** asociadas a compensación de dosis génica, interactúan entre sí.



Para ello se desarrollaron **bases de datos, herramientas computacionales e inteligencia artificial** que permiten analizar posibles relaciones biológicas.

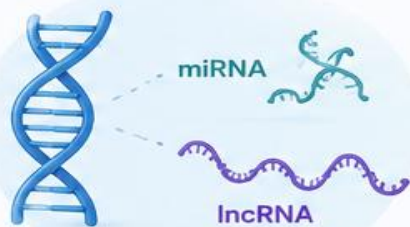


1. CÉLULA CANCEROSA



Las células cancerosas tienen alteraciones genéticas que les permiten sobrevivir y multiplicarse.

2. ADN Y MOLÉCULAS REGULADORAS



Estudiamos cómo miRNA y lncRNA asociadas a compensación de dosis génica interactúan entre sí.

3. ANÁLISIS COMPUTACIONAL E INTELIGENCIA ARTIFICIAL



Desarrollamos bases de datos, herramientas e IA para analizar millones de posibles relaciones biológicas.

4. DESCUBRIMIENTO CIENTÍFICO



Nuevos conocimientos que pueden abrir camino a mejores diagnósticos y tratamientos contra el cáncer.



Nuestro objetivo final es comprender los mecanismos ocultos que permiten la supervivencia del cáncer para generar nuevas oportunidades de detección y tratamiento.



¿Qué buscamos?



Identificar moléculas de ARN (**lncRNA**) que podrían participar en **mecanismos de compensación** que ayudan a las células cancerosas a mantener su **supervivencia**.



Específicamente, **lncRNA** asociados a **miRNA** que ya se han identificado en mecanismos de compensación de dosis génica en cáncer.

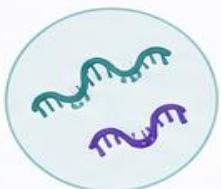
EN OTRAS PALABRAS:



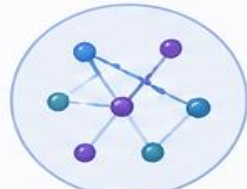
Encontrar posibles “**puntos de control**” **biológicos** que permitan comprender mejor el cáncer y abrir nuevas oportunidades para su tratamiento.



Alteraciones genéticas en el cáncer



miRNA y lncRNA interactúan



Mecanismos de compensación que favorecen la supervivencia



Identificamos lncRNA clave asociados a miRNA



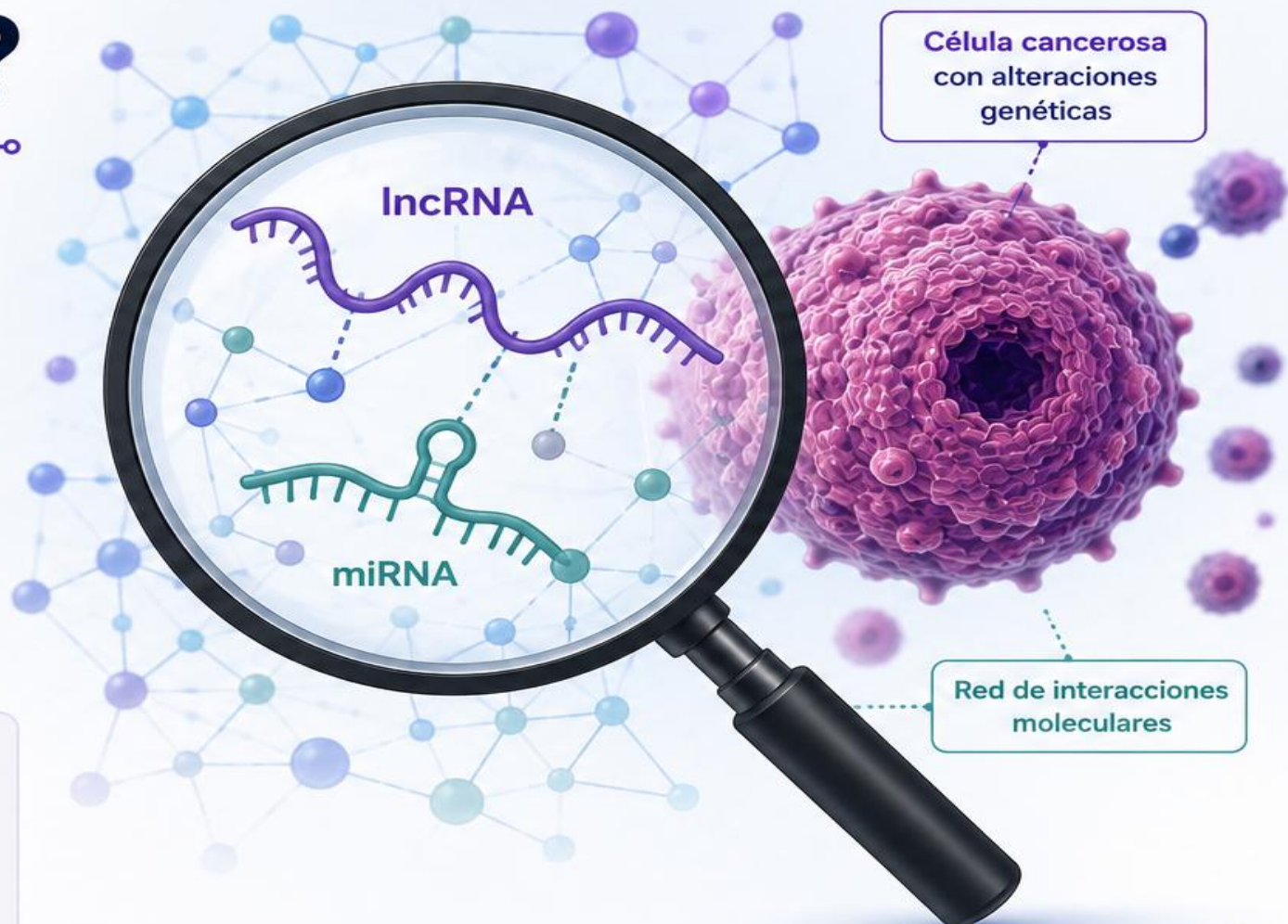
Nuevos puntos de control para entender y tratar el cáncer



Nuevas oportunidades de diagnóstico y tratamiento



Nuestro objetivo final: contribuir a mejores estrategias para **combatir el cáncer**.



¿Por qué es importante?

Entender y **identificar mecanismos de compensación** en moléculas específicas podría revelar **nuevas formas** de detectar, estudiar y eventualmente **combatir** distintos tipos de cáncer.



1

Detectar

biomarcadores más precisos



2

Estudiar

mecanismos ocultos del cáncer



3

Identificar

nuevos puntos de control biológicos



4

Desarrollar

mejores estrategias de tratamiento y medicina personalizada



5

Mejorar

la calidad de vida y aumentar las posibilidades de cura



Comprender estos mecanismos nos acerca a un futuro con mejores:



Diagnósticos más precisos



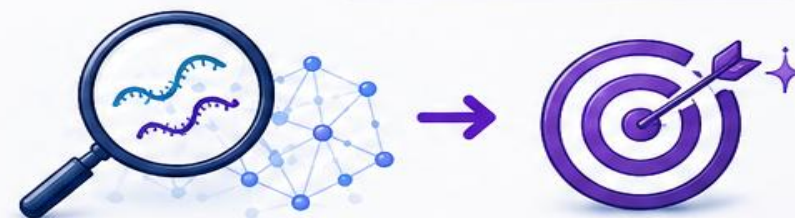
Tratamientos más efectivos



Más esperanza para las personas



Cada descubrimiento nos acerca a un futuro donde el cáncer se pueda **prevenir mejor, diagnosticar a tiempo y tratar de manera más efectiva.**



De la información al descubrimiento, del descubrimiento a mejores soluciones.

Impacto



- Generación de nuevo conocimiento científico sobre el cáncer.



- Identificación de posibles biomarcadores asociados a la enfermedad.



- Desarrollo de herramientas computacionales para investigación biomédica.



- Fortalecimiento de la investigación nacional en bioinformática e inteligencia artificial aplicada a la salud.



- En general, contribuir a una mejor comprensión de los mecanismos que permiten la supervivencia de células cancerosas y facilitar futuras estrategias de diagnóstico y tratamiento.



Investigación

Estudiamos moléculas reguladoras del ADN (como miRNA y lncRNA) y sus interacciones en cáncer.



Conocimiento

Generamos y organizamos información para descubrir nuevos mecanismos y biomarcadores.



Diagnóstico

Identificamos señales moleculares que pueden ayudar a detectar el cáncer de forma más precisa y temprana.



Tratamiento

Estos hallazgos pueden abrir la puerta a nuevas terapias más efectivas y personalizadas.



Nuestro trabajo sienta las bases para **transformar la información en soluciones** que **mejoren la vida de las personas.**

Resultados obtenidos



Construcción de una base de datos única

Se desarrolló una base de datos que integra información biológica que anteriormente se encontraba dispersa en múltiples fuentes.

La base contiene:



22 965
interacciones miRNA-lncRNA
validadas experimentalmente.



121 249
moléculas tipo lncRNA.



2 656
moléculas tipo miRNA.



Información de secuencias, estructuras e interacciones biológicas en un único recurso.

Pipeline de caracterización de interacciones

lncRNASNP2



miRNA-lncRNA
validated interactions

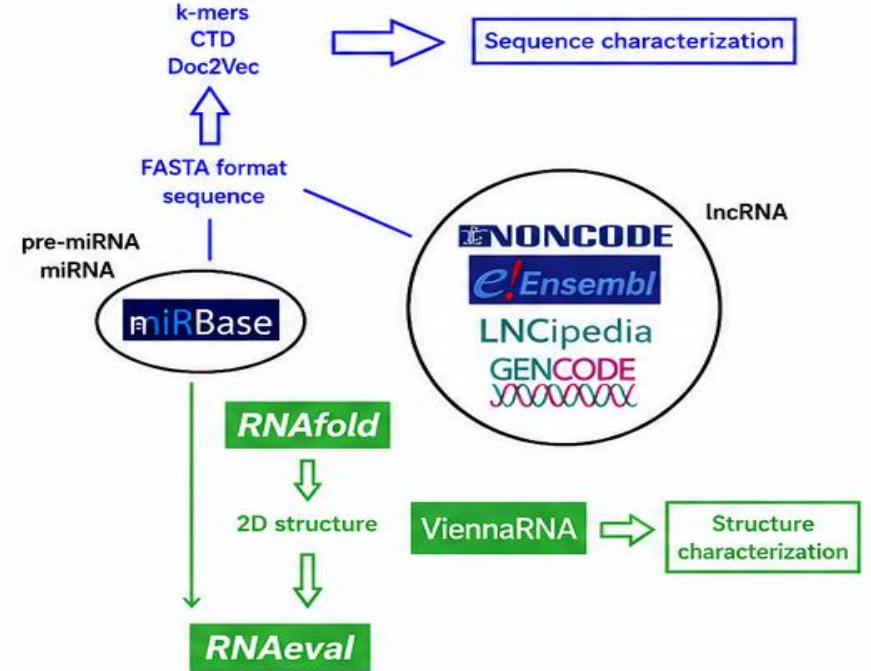


miRanda **RNAeval**
U-U₁G₂U-C₃C₄G₅U-C₆C₇



Interaction characterization

Integración de múltiples fuentes de información



Logro destacado:

Por primera vez se integró **toda esta información** en una **única plataforma** de consulta y análisis.



- Consulta integrada
- Análisis avanzado
- Datos organizados y actualizados
- Recurso confiable para la investigación

Resultados obtenidos



Desarrollo de Inteligencia Artificial

Se diseñó e implementó un modelo de inteligencia artificial basado en tecnología **Transformer**, similar a la utilizada en sistemas modernos de IA.



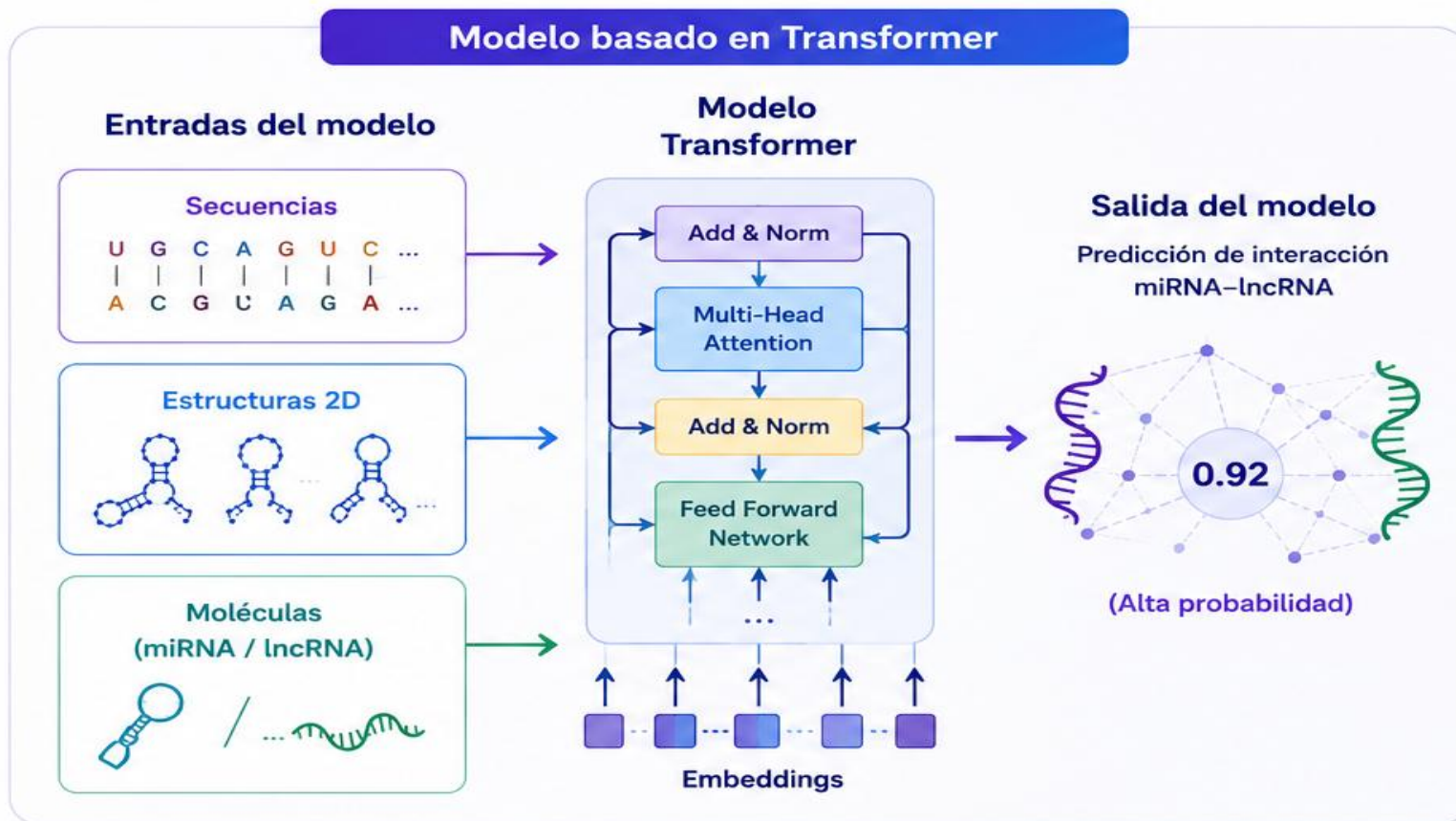
¿Qué hace?

Analiza patrones biológicos complejos y predice cuáles moléculas tienen mayor probabilidad de interactuar entre sí.



Resultado

El modelo mostró un desempeño sólido y confiable para apoyar futuras investigaciones en biología molecular y cáncer.




Datos biológicos
(secuencias, estructuras
e interacciones)




Modelo IA
(Transformer)




Predicción de
interacciones




Análisis e interpretación
de resultados



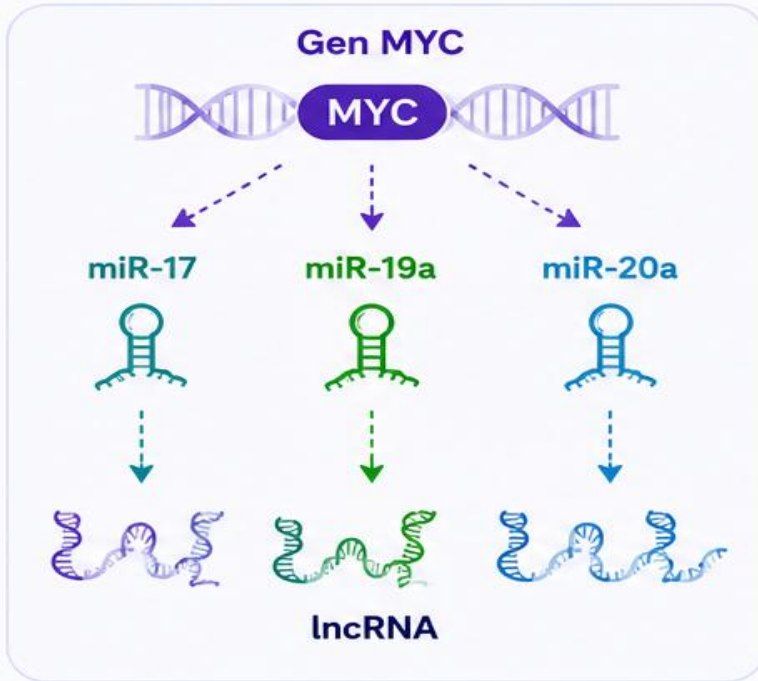

Apoyo a la investigación
en biología molecular
y cáncer

Resultados obtenidos



Identificación de moléculas con potencial relevancia biológica

Se analizaron los lncRNA asociados al gen **MYC** (miR-17, miR-19a, miR-20a), uno de los genes más importantes en el desarrollo de numerosos tipos de cáncer y con mecanismos de compensación ya caracterizados.



Principales hallazgos



867

interacciones miRNA-lncRNA identificadas.



480

interacciones con una probabilidad superior al 90%.



257

lncRNA distintos con alta probabilidad de participación.



34

lncRNA interactúan simultáneamente con los tres miRNA de MYC.



26

lncRNA presentan una probabilidad de interacción promedio superior al 95%.



¿Por qué es importante?



Estas moléculas representan candidatos prometedores para futuras investigaciones relacionadas con diagnóstico, regulación genética y posibles estrategias terapéuticas.



Diagnóstico molecular



Regulación genética



Descubrimiento de biomarcadores



Estrategias terapéuticas

Principales contribuciones

Este trabajo integra datos, métodos computacionales y biología molecular para impulsar la investigación en cáncer.



01



Base de datos integrada y de acceso para investigación.

Integra información de lncRNA, miRNA e interacciones validadas experimentalmente en un único recurso accesible.



02



Modelo de inteligencia artificial para predicción de interacciones biológicas.

Desarrollo de un modelo basado en tecnología Transformer que analiza patrones biológicos y predice interacciones miRNA-lncRNA.



03



Identificación de moléculas candidatas asociadas a mecanismos relevantes en cáncer.

Descubrimiento de lncRNA con alta probabilidad de interacción vinculadas a los reguladores del gen MYC (miR-17, miR-19a, miR-20a).

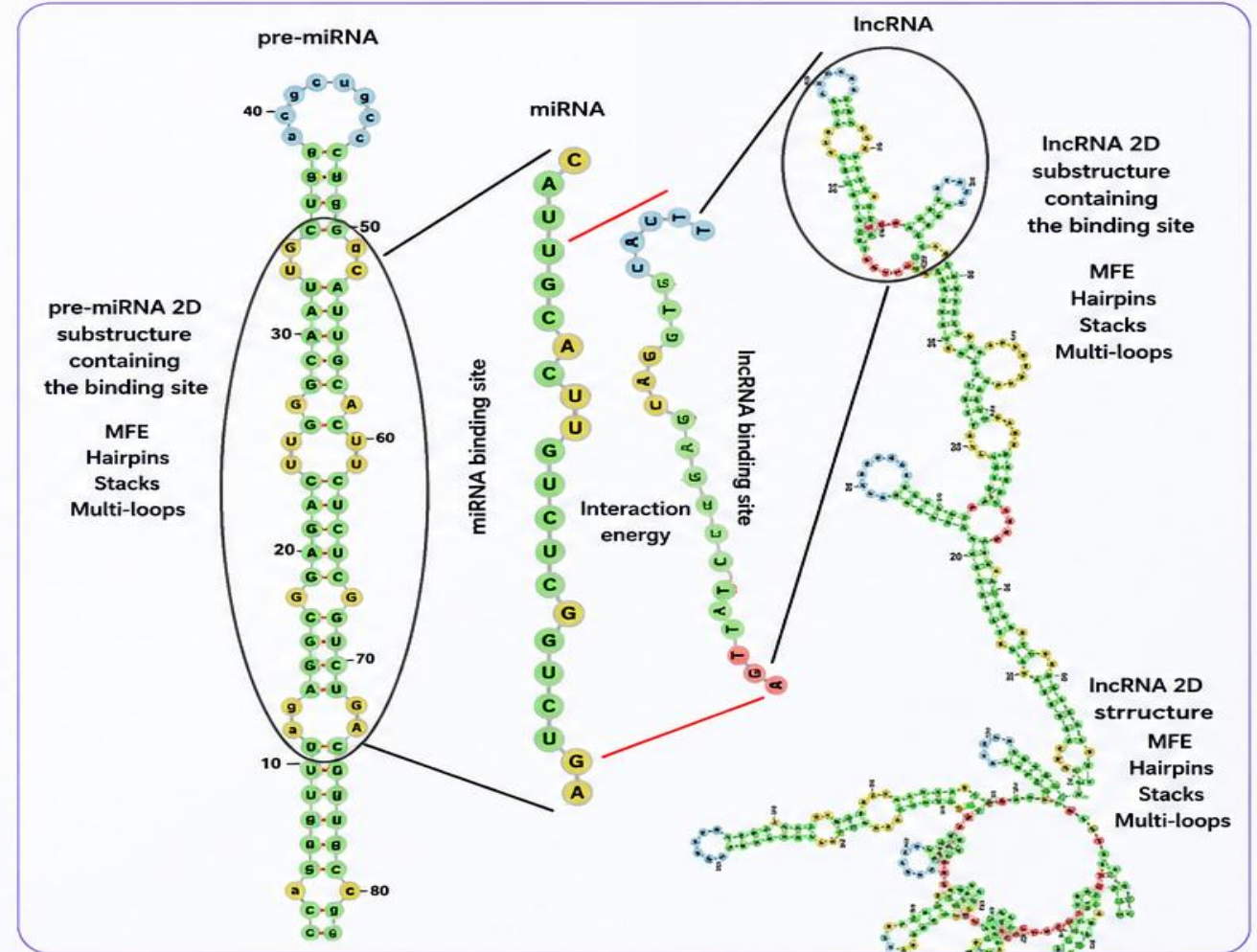


04



Generación de conocimiento científico en bioinformática, inteligencia artificial y salud.

Contribuye al avance del conocimiento y al desarrollo de nuevas estrategias para diagnóstico, regulación genética y terapias contra el cáncer.



Impacto: Estas contribuciones proporcionan herramientas y conocimiento clave para comprender los mecanismos moleculares del cáncer y apoyar el desarrollo de futuras estrategias terapéuticas.





Gracias por su atención

