

Bilbao, June 7th 2018

El “Machine Learning” podría convertirse en una nueva forma de guiar los esfuerzos de Bioingeniería

Héctor García, colaborador de BCAM, publica un artículo en la revista Nature Systems Biology and Applications que sugiere que el Aprendizaje Automático podría acelerar el desarrollo de biomoléculas

La Bioingeniería permite a los expertos diseñar sistemas biológicos que benefician a la sociedad, como por ejemplo células que produce biocombustibles o medicamentos que combaten las infecciones resistentes a los antibióticos. Esto se consigue analizando y rediseñando la serie de reacciones químicas que producen un compuesto específico en una célula.

Sin embargo, predecir con fiabilidad el resultado de alterar una célula mediante técnicas de Bioingeniería es difícil, ya que los modelos matemáticos tradicionales que se usan para pronosticar la dinámica de las reacciones químicas de una célula tardan meses en desarrollarse y requieren de un elevado nivel de conocimiento en ese ámbito. Además, las predicciones no siempre coinciden con los resultados experimentales.

[Héctor García](#), miembro científico externo del [Basque Center for Applied Mathematics](#) - BCAM y colaborador habitual del centro, ha publicado recientemente el artículo “[A machine learning approach to predict metabolic pathway dynamics from time-series multiomics data](#)” en la revista Nature Systems Biology and Applications sugiriendo que un nuevo enfoque de Aprendizaje Automático podría acelerar los procesos de Bioingeniería.

El aprendizaje automático o Machine Learning utiliza datos para entrenar a un algoritmo computacional para hacer predicciones. Ese algoritmo aprende el comportamiento de un sistema analizando datos de sistemas relacionados, permitiendo a los científicos predecir rápidamente los resultados de un proceso.

Héctor García y Zak Costello, su compañero en este proyecto de investigación realizado en el [Lawrence Berkeley National Laboratory](#) (Berkeley Lab), han desarrollado técnicas de inteligencia artificial que permiten predecir y diseñar procesos de Bioingeniería de manera más rápida. Afirman que estas técnicas de Aprendizaje Automático pueden sustituir a los modelos cinéticos tradicionales, ya que su efectividad es mayor gracias a que el sistema es capaz de aprender directamente a partir de datos y ejemplos y no requiere un experto (humano) en Biología.



A new approach developed by Hector Garcia Martin (left) and Zak Costellod brings the speed and analytic power of machine learning to bioengineering. (Credit: Marilyn Chung, Berkeley Lab)

Tal y como afirma García en un [artículo periodístico publicado en Berkeley Lab](#), su enfoque promete acelerar el desarrollo de biomoléculas para muchas aplicaciones además de biocombustibles comercialmente viables: medicamentos que combaten infecciones resistentes a los antibióticos y cultivos que resisten sequías, y podría convertirse en “una nueva forma de guiar los esfuerzos de Bioingeniería”.

García visitará BCAM el próximo mes de julio para colaborar con el grupo de [Modelización y Simulación en Ciencias de la Vida y de los Materiales](#) dirigido por la Ikerbasque Research Professor [Elena Akhmatkaya](#).

Machine Learning could become a new way to guide Bioengineering efforts

BCAM contributor Hector García published an article in the journal Nature Systems Biology and Applications that suggests that Machine Learning could accelerate the development of biomolecules

Bioengineering allows experts to design biological systems that benefit society, such as cells that produce biofuels or drugs that fight antibiotic-resistant infections. This is achieved by analyzing and redesigning the series of chemical reactions that produce a specific compound in a cell.

However, reliable prediction of the outcome of Bioengineering work is difficult because the traditional mathematical models used to foresee the dynamics of chemical reactions in a cell take months to develop and require a high level of expertise in this field. Moreover, these predictions do not always match experimental results.

The external scientific member of the [Basque Center for Applied Mathematics](#) – BCAM, and regular collaborator of the center, [Héctor García](#) has recently published the article “[A machine learning approach to predict metabolic pathway dynamics from time-series multiomics data](#)” in the journal Nature Systems Biology and Applications suggesting that a new approach to Machine Learning could speed up the processes of Bioengineering.

Machine Learning uses data to train a computer algorithm to make predictions. The algorithm learns the behavior of a system by analyzing data from related systems, allowing scientists to quickly predict the results of a process.

Héctor García and Zak Costello, his partner in this research project carried out at [Lawrence Berkeley National Laboratory](#) (Berkeley Lab), have developed artificial intelligence techniques that are able to predict and design Bioengineering processes more quickly. They claim that these Machine Learning techniques can replace traditional kinetic models because they are more effective, since the system is able to learn directly from data and examples and does not require a biological expert.

As García states in a press released [published in Berkeley Lab](#), their approach promises to accelerate the development of biomolecules for many applications in addition to commercially viable biofuels, such as antibiotic-resistant infection-fighting drugs and drought-resistant crops, and could become "a new way to guide Bioengineering efforts".

García will visit BCAM next July to collaborate with the [Life and Materials Science Modelling and Simulation](#) group led by the Ikerbasque Research Professor [Elena Akhmatskaya](#).