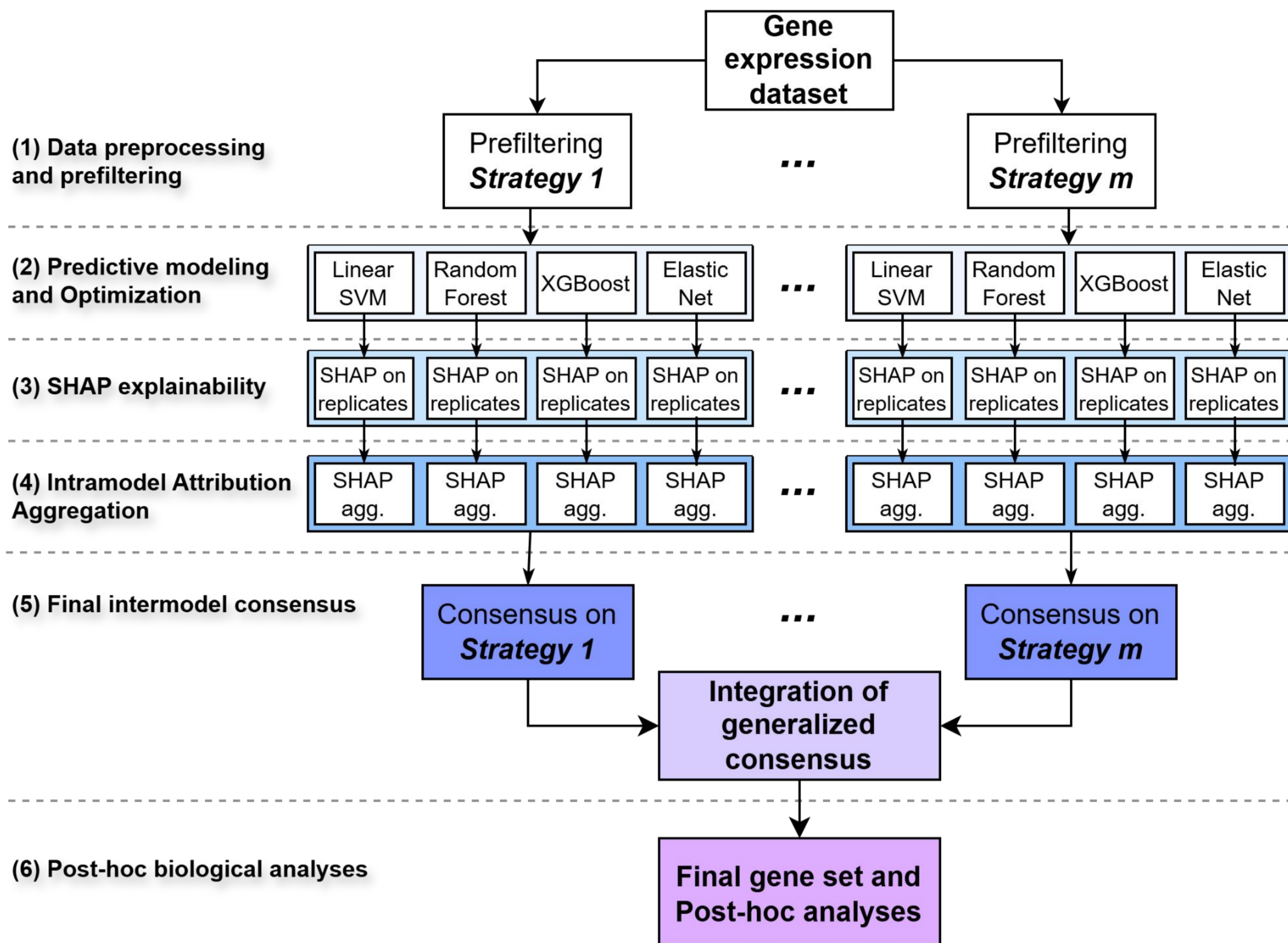


Pipeline Integrativo de Machine Learning Predictivo y Transcriptómica Funcional para la Caracterización de Firmas Moleculares en Enfermedades Complejas.

Rodrigo Gómez López¹, Rocio Lujan Cecchini^{1,2}, Axel Juan Soto^{1,2}, Ignacio Ponzoni^{1,2}.

¹ Instituto de Ciencias e Ingeniería de la Computación, CONICET-UNS.; ² Departamento de Ciencias e Ingeniería de la Computación, Universidad Nacional del Sur (UNS).



Contexto: Línea dentro del marco del Proyecto "Desarrollo de algoritmos, modelado predictivo y análisis bioinformático basado en técnicas de aprendizaje automático", dirigido por las Dras. Carballido y Cecchini (UNS-CONICET).

Línea de I+D: Desarrollo y aplicación de metodologías que integran técnicas de aprendizaje automático con explicabilidad (XAI) y analítica visual, aplicados a datos de expresión génica, con el objetivo de estudiar y caracterizar enfermedades complejas.

Resultados Obtenidos/Esperados: Desarrollo de marco metodológico predictivo multimodelo integrando técnicas de explicabilidad (SHAP) para mitigar sesgos algorítmicos y extraer firmas consistentes, aplicado preliminarmente en Fibromialgia. Estos resultados se complementan con análisis post-hoc para interpretar y contextualizar las firmas en el marco fisiopatológico de la enfermedad.

Formación de RRHH: Esta línea engloba la tesis doctoral del Lic. Rodrigo Gómez López, desarrollada en el grupo **BioChemTICs** (CONICET-UNS). El trabajo investiga el uso de aprendizaje automático aplicado a la inferencia de redes jerárquicas en genómica.