Introducción

Las tecnologías ómicas representaron el surgimiento de un nuevo paradigma en la investigación tanto básica como aplicada, la capacidad de obtener cantidades masivas de datos en un solo experimento y en un periodo corto de tiempo.

Las tecnologías ómicas han constituidos los fundamentos de la ciencia, tanto básica como aplicada, durante las últimas dos décadas. Comenzando con la génomica, impulsada por el Proyecto Genome en 20xx y la secuenciación masiva del genoma humano [ref], la trasncriptómica y la proteómica han adquirido una relevancia intrínseca a la investigación.

En los últimos años el surgimiento de otras variables de tecnologías ómicas como la metabolómica, secuenciación masiva, epigenomica y XXXX han acentuado esta creciente tendencia. Todas estas crecientes formas de analizar muestras bilógicas han provocado la necesidad de métodos para analizar las grandes cantidades de datos que las tecnologías ómicas generan. Pero si, como suele suceder los últimos años, se analizan las mismas muestras con diferentes tecnologías entramos en una dimensión completamente diferente. Cada análisis ómico

Un estudio holistico de diferentes ómicas requiere una forma de analizar las muestras (ya se han pacientes, cultivos, células cancerosas o el diseño de fármacos) que integre todas los conjunto de datos en un solo objeto que represente todas las características de los pacientes para cada uno de las ómicas utilizadas.

El análisis integrativo de datos multi-ómicos requiere un procesado

Con la ampliación y mayor accesibilidad de las tecnologías ómicas, el análisis integrativo de datos multi-ómicos se ha convertido en una aproximación habitual en la investigación y estudio de enfermedades o para la búsqueda de distintos tipos de biomarcadores.

Uno de los principales problemas que presenta este enfoque es la dificultad para interpretar los complejos resultados obtenidos tras el habitual procesado de los datos. Muchos métodos de integración se basan en técnicas multivariantes de reducción de la dimensión y las nuevas dimensiones (como por ejemplo el Análisis de Componentes Principales) pueden suponer una compleja interpretación.

Para abordar esta situación analizaremos la aplicabilidad de un método emergente de análisis integrativo de datos multi-ómicos, el Similarity Network Fusion (SNF).

El Similarity Network Fusion construye redes de similitud entre muestras analizadas de distintas ómicas y las fusiona en una única red integrativa que refleja la similitud global entre las muestras considerando todos los datos de las distintas ómicas involucradas en el análisis.

Utilizando este nuevo enfoque analizaremos DataSets que contienen información de múltiples ómicas para realizar un estudio integrativo que resulte en un resultado completo único.

Para validar el método se comparar su rendimiento e interpretabilidad con otros métodos de integración

Similarity network fusión es un método network-based para integrar datos multi-omicos usando un método de fusión de redes.

SNF is more robust with respect to noise compared to the alternative approaches.[1]