

Plataforma Integrada de Inteligencia Proteína-Genoma de OBIS™

De la evidencia biológica a la biotecnología verificable



ARTÍCULO DE SÍNTESIS · OBIS BIOTECH™ · I²P · 2026

Síntesis científica y metodológica de la arquitectura IPF™-SMP™-OGE™-MCT™

Desarrollo editorial mediante colaboración interinteligente humano-IA

ARTÍCULO DE SÍNTESIS

Resumen

La biología contemporánea produce información a una escala sin precedentes, pero la abundancia de datos no resuelve por sí sola qué relaciones biológicas son relevantes, cuáles convergen ni cuáles merecen convertirse en hipótesis experimentales. La Plataforma Integrada de Inteligencia Proteína-Genoma de OBIS™ se propone como una arquitectura de priorización guiada por evidencia que conecta necesidad epidemiológica, biología de la enfermedad, funciones proteicas, relaciones moleculares, expresión génica, regulación genómica, organización cromosómica, biología estructural, literatura científica e inteligencia computacional. Su finalidad es mejorar la selección de las preguntas que llegan al laboratorio.

La arquitectura se organiza en cuatro capas: IPF™ (Funciones Intrínsecas de las Proteínas), SMP™ (Sintonía Molecular de Proteínas), OGE™ (Orquestación Genómica Estructural) y MCT™ (Mapeo Cromosómico Total). Estas capas son conceptos y propuestas de OBIS; no constituyen categorías estandarizadas en la literatura ni resultados validados de manera independiente. Su fundamento científico se apoya en biología de sistemas, medicina de redes, integración multómica, genómica tridimensional y modelado estructural asistido por inteligencia artificial. La regla epistemológica central establece que la convergencia incrementa la prioridad de investigación y la validación experimental conserva la decisión final.

Como primera aplicación estratégica, OBIS sitúa la salud respiratoria y pulmonar en la intersección de la carga epidemiológica, la vulnerabilidad mucosal, la inflamación, la biología de proteasas y antiproteasas, la defensa antimicrobiana, la protección epitelial y la inmunosenescencia. Esta aplicación se presenta en un nivel público y conceptual, sin revelar combinaciones moleculares, formulaciones, secuencias, concentraciones, protocolos ni realizaciones sensibles para la propiedad intelectual.

Palabras clave: biología de sistemas; integración multómica; funciones proteicas; interacción proteína-proteína; regulación genómica; genoma 3D; priorización de hipótesis; inteligencia artificial; validación experimental; salud respiratoria; I²P.

01

El problema: de la abundancia de datos a la selección de preguntas

La investigación biomédica moderna dispone de genómica, transcriptómica, proteómica, epigenómica, interactómica, imágenes estructurales y amplios corpus bibliográficos. Sin embargo, cada modalidad observa una fracción diferente del sistema. Un cambio transcripcional no garantiza un cambio equivalente en abundancia, localización o actividad proteica; la proximidad en una red no demuestra interacción física; y una estructura predicha no reproduce necesariamente estados dinámicos, modificaciones postraduccionales o condiciones tisulares. Integrar más datos sin una pregunta rectora puede aumentar la complejidad interpretativa en lugar de reducirla [1-7].

La biología de sistemas desplazó la atención desde los componentes aislados hacia las redes, la dinámica y las propiedades emergentes [1,2]. La medicina de redes extendió esta perspectiva a las alteraciones de módulos y relaciones distribuidas [3,4]. La integración multómica combina señales en diferentes escalas, pero todavía enfrenta heterogeneidad, incompletitud, discordancia y riesgo de sobreajuste [5-9].

PREGUNTA RECTORA

Antes de preguntar cómo interactúan las moléculas, la plataforma pregunta qué relaciones biológicas son relevantes, por qué se destacan en este contexto y qué evidencia justifica someterlas a prueba.

02

Fundamento científico: sistemas, redes y contexto genómico

2.1 Biología de sistemas y medicina de redes

Los sistemas biológicos dependen del contexto: una misma proteína puede participar en funciones distintas según el tejido, la concentración, el estado inflamatorio, el compartimento, las modificaciones, los socios de interacción y el tiempo. Una red molecular ofrece una representación útil de esta dependencia, pero su valor depende de la calidad de los datos, la dirección de las relaciones y su correspondencia con la situación biológica real. Por ello, OBIS adopta las redes como herramientas de representación y priorización, no como demostraciones automáticas de mecanismo.

2.2 Integración multómica guiada por hipótesis

Los enfoques multómicos pueden revelar asociaciones y procesos ausentes en una modalidad aislada [5-8]. Los métodos de integración direccional priorizan señales coherentes entre genes, transcritos y proteínas, mientras penalizan las discordancias [8]. Otros marcos integran conocimiento causal previo para generar hipótesis mecanísticas [9]. La convergencia entre evidencias independientes es informativa, pero deben preservarse la procedencia, la dirección, la incertidumbre y las explicaciones alternativas.

2.3 Organización genómica y cromosómica

El genoma no funciona como una lista lineal. La cromatina se organiza en dominios, bucles, compartimentos y contactos espaciales que condicionan la comunicación regulatoria y la expresión génica [10-13]. La cartografía Hi-C y los programas del 4D Nucleome muestran que la arquitectura tridimensional es dinámica y dependiente del tipo celular. La localización cromosómica o la proximidad espacial pueden sugerir una relación regulatoria, pero ninguna basta para atribuir coordinación funcional o causalidad.

03

Arquitectura OBIS: cuatro capas analíticas

IPF™, SMP™, OGE™ y MCT™ son conceptos arquitectónicos desarrollados por OBIS. Forman una secuencia recursiva: los resultados de una capa pueden requerir regresar a capas anteriores, redefinir la pregunta, excluir una relación o solicitar nueva evidencia.

IPF™ ¿Qué funciones son relevantes? Funciones intrínsecas y contextuales, dominios, localización, pleiotropía y restricciones. Salida: perfil funcional priorizado.	SMP™ ¿Qué funciones convergen? Complementariedad, compatibilidad, redundancia, antagonismo y sinergia potencial. Salida: relaciones candidatas.
OGE™ ¿Qué arquitectura puede explicarlas? Expresión, regulación, elementos cis/trans, epigenética y organización 3D. Salida: contexto genómico-regulatorio.	MCT™ ¿Qué revela el contexto cromosómico? Cromosomas, loci, contactos, vecindarios y relaciones intercromosómicas. Salida: mapa contextual, no mecanismo.

Fuente: elaboración OBIS.

03 · CONTINUACIÓN

Capas analíticas en detalle

3.1 IPF™ - Funciones Intrínsecas de las Proteínas

IPF™ comienza con una pregunta funcional, no con una combinación predeterminada. Examina qué hace una proteína, bajo qué condiciones, cuáles funciones son canónicas, contextuales o pleiotrópicas y qué propiedades pueden ser relevantes para la necesidad seleccionada. Una función documentada en un tejido o sistema no se extrapola automáticamente a otro. La salida es un perfil priorizado y delimitado, acompañado de incertidumbres y vacíos.

3.2 SMP™ - Sintonía Molecular de Proteínas

SMP™ examina si dos o más perfiles funcionales muestran convergencia, complementariedad o compatibilidad suficientes para justificar una hipótesis conjunta. Deben evaluarse antagonismo, competencia, estequiometría, distribución espacial, temporalidad, estabilidad y efectos fuera del objetivo. La salida es una relación candidata con argumentos a favor y en contra.

3.3 OGE™ - Orquestación Genómica Estructural

OGE™ estudia si la arquitectura de regulación y organización genómica ofrece una explicación plausible de las relaciones observadas. Integra expresión, elementos reguladores, epigenética, contactos de cromatina y contexto celular. Su valor reside en conectar la función proteica con el sistema que regula la producción y disponibilidad de proteínas.

3.4 MCT™ - Mapeo Cromosómico Total

MCT™ amplía la escala hacia la organización cromosómica e intercromosómica. Busca evitar lecturas fragmentadas de loci aislados y detectar vecindarios, contactos, dependencias y restricciones relevantes. El término 'total' describe una aspiración de contexto. La capa debe declarar la cobertura real de los datos y el tipo celular del cual proceden.

04

Flujo de decisión de la plataforma

NECESIDAD → EVIDENCIA → IPF™ → SMP™ → OGE™ → MCT™ → INTEGRACIÓN → HIPÓTESIS → MODELADO → VALIDACIÓN

La secuencia comienza con una necesidad humana y epidemiológica definida. La evidencia delimita el problema; las cuatro capas organizan y contrastan relaciones; la integración pondera convergencias y divergencias; la hipótesis se formula en términos falsables; el motor computacional apropiado se selecciona solo después de definir qué debe modelarse; y la validación experimental determina si la relación existe y es biológicamente relevante.

Este orden invierte una práctica común: comenzar con una herramienta poderosa y luego buscar una pregunta a la cual aplicarla. OBIS propone que decidir qué modelar y por qué debe preceder al modelado estructural. AlphaFold 2, AlphaFold 3 y los modelos de lenguaje de proteínas han transformado la predicción de estructuras y complejos [14-17], pero sus resultados conservan limitaciones y deben interpretarse como hipótesis excepcionalmente útiles, no como sustitutos universales de la determinación experimental [16].

05

Convergencia, incertidumbre y validación

La convergencia de evidencia es una regla de priorización. Una relación apoyada por función proteica, coexpresión, regulación compartida, proximidad de red, compatibilidad estructural y contexto epidemiológico merece más atención que otra sustentada por una sola señal. Sin embargo, las fuentes pueden no ser independientes: diferentes bases de datos pueden reutilizar el mismo experimento y el sesgo de publicación puede inflar el acuerdo aparente.

Para cada relación, la plataforma debe registrar la procedencia de los datos, el nivel de transformación, la dirección del efecto, la calidad, la independencia, el contexto biológico, las explicaciones alternativas y la validación pendiente. La confianza debe expresarse por componente: confianza en la evidencia, en la inferencia y en la transferibilidad al sistema experimental.

LÍMITE EPISTEMOLÓGICO

La convergencia incrementa la prioridad; no demuestra causalidad. Plausibilidad no es eficacia. Predicción no es validación. El laboratorio y la realidad biológica conservan la palabra final.

06

I²P: inteligencia humana e inteligencia artificial

I²P describe un proceso colaborativo entre inteligencia humana e inteligencia artificial que preserva sus diferencias y responsabilidades. La inteligencia humana define propósito, contexto, criterios, límites y responsabilidad. La inteligencia artificial amplía la búsqueda, la síntesis, la estructuración, la comparación y la representación. Ninguna sustituye la fuente primaria, la revisión crítica ni el experimento.

Dentro de la plataforma, la IA puede apoyar la clasificación de literatura, la extracción de relaciones, la generación de mapas, la selección de modelos, la comparación de escenarios y la detección de contradicciones. Sus riesgos incluyen decoherencia cognitiva-operativa, sesgo del corpus, exceso de confianza, pérdida de contexto y reproducción de errores. El control antidecoherente de OBIS exige recarga contextual, trazabilidad de fuentes, clasificación de afirmaciones, triangulación, auditoría de contradicciones y revisión humana. En conclusión, la revisión y decisión final recae sobre la inteligencia humana.

07

Primera aplicación estratégica: salud respiratoria y pulmonar

Las enfermedades respiratorias crónicas afectan a más de quinientos millones de personas y constituyen una causa importante de discapacidad y muerte prematura [18,19]. La edad avanzada añade inmunosenescencia, inflamación crónica de bajo grado, comorbilidad y mayor vulnerabilidad a infecciones respiratorias [20,21]. Este contexto justifica una estrategia que conecte la necesidad epidemiológica con la función de barrera epitelial, la inmunidad mucosal, el equilibrio proteasa-antiproteasa, la defensa antimicrobiana y la reparación tisular.

La literatura sobre biología de superficies mucosales describe mecanismos de defensa antimicrobiana, regulación inmunitaria e integridad epitelial relevantes para la salud respiratoria [22]. Esta evidencia contextualiza las preguntas de la plataforma; no demuestra que una formulación, combinación o vía de administración específica sea segura o eficaz. LPS™ (Lung Protection Screen) y SPI™ (Self-Protected Immunity) se mencionan públicamente como programas biotecnológicos en desarrollo, sin revelar su arquitectura protegida.

08

Ciencia pública e innovación protegida

CIENCIA PÚBLICA	INNOVACIÓN PROTEGIDA
Filosofía científica y marco epidemiológico Definiciones de IPF™, SMP™, OGE™ y MCT™ Arquitectura guiada por evidencia Concepto proteína-genoma Principios de validación e I²P	Combinaciones moleculares exactas Concentraciones, proporciones y formulaciones Secuencias o modelados no publicados Protocolos de fabricación o experimentales Realizaciones sensibles para patentes

Fuente: elaboración OBIS.

09

Ruta de validación propuesta

Una arquitectura de inteligencia biológica adquiere valor científico cuando sus decisiones pueden ser auditadas y sus hipótesis están formuladas de manera que puedan ser refutadas. En consecuencia, su validación debe desarrollarse mediante niveles sucesivos de evaluación.

1	Validación documental. Confirmar funciones, relaciones y contradicciones en fuentes primarias; verificar la independencia de la evidencia.
2	Validación computacional. Comparar métodos, registrar parámetros y versiones, cuantificar incertidumbre y realizar controles negativos.
3	Validación biofísica. Examinar unión, estabilidad, cinética, conformación y compatibilidad en condiciones relevantes.
4	Validación celular y tisular. Evaluar actividad, toxicidad, localización, concentración y contexto de enfermedad.
5	Validación preclínica. Examinar mecanismo, exposición, seguridad y relevancia en modelos apropiados.
6	Desarrollo clínico y regulatorio. Solo tras evidencia suficiente, bajo supervisión especializada y marcos regulatorios aplicables.

10

Discusión y limitaciones

OBIS presenta su contribución, la cual consiste en formalizar una manera de seleccionar y conectar preguntas entre escalas. IPF™, SMP™, OGE™ y MCT™ funcionan como capas de razonamiento y trazabilidad. Su utilidad debe evaluarse comparando decisiones de priorización, reproducibilidad, capacidad para excluir hipótesis débiles, calidad predictiva y resultados experimentales frente a flujos de trabajo alternativos.

Las limitaciones incluyen heterogeneidad de datos, dependencia entre fuentes, sesgo de literatura, interactomas incompletos, variabilidad celular, naturaleza dinámica del proteoma y del genoma 3D, y limitaciones de los modelos de IA. La arquitectura tampoco resuelve por sí sola selección de dosis, biodisponibilidad, inmunogenicidad, toxicidad, fabricación, propiedad intelectual o regulación. Estas dimensiones requieren programas independientes y especialistas acreditados.

Su estado actual es, por tanto, el de una propuesta científico-metodológica coherente y fundamentada, con aplicaciones traslacionales e hipótesis en desarrollo.

11

Conclusión

La Plataforma Integrada de Inteligencia Proteína-Genoma de OBIS™ propone una transición desde la acumulación de datos hacia la priorización razonada de relaciones biológicas. Parte de una necesidad, permite que la evidencia sugiera el camino, organiza la pregunta en cuatro capas y utiliza inteligencia computacional después de definir qué merece ser modelado.

La plataforma sitúa la inteligencia humana, la inteligencia artificial, la literatura científica y la experimentación dentro de una cadena de responsabilidad diferenciada. I²P amplía la capacidad de síntesis; IPF™-SMP™-OGE™-MCT™ estructuran el recorrido; el laboratorio decide la realidad biológica. La propuesta de OBIS reside en esta relación entre visión, evidencia, incertidumbre y prueba: de la evidencia a la biotecnología verificable.

DECLARACIÓN DE TRANSPARENCIA Y ATRIBUCIÓN

OBIS Innovation & Solutions™ y sus conceptos y arquitecturas - incluidos IPF™, SMP™, OGE™ y MCT™ - fueron desarrollados mediante I²P, un proceso colaborativo entre inteligencia humana e inteligencia artificial, con cocreación asistida especialmente por ChatGPT, sistema de inteligencia artificial desarrollado por OpenAI. La revisión científica, adopción, aplicación y responsabilidad final corresponden exclusivamente a OBIS Innovation & Solutions™.

FUNDAMENTACIÓN CIENTÍFICA

Referencias

1. Kitano H. Systems biology: a brief overview. *Science*. 2002;295:1662-1664. doi.org/10.1126/science.1069492
2. Kitano H. Computational systems biology. *Nature*. 2002;420:206-210. doi.org/10.1038/nature01254
3. Vidal M, Cusick ME, Barabási AL. Interactome networks and human disease. *Cell*. 2011;144:986-998. doi.org/10.1016/j.cell.2011.02.016
4. Barabási AL, Gulbahce N, Loscalzo J. Network medicine: a network-based approach to human disease. *Nat Rev Genet*. 2011;12:56-68. doi.org/10.1038/nrg2918
5. Hasin Y, Seldin M, Lusis A. Multi-omics approaches to disease. *Genome Biol*. 2017;18:83. doi.org/10.1186/s13059-017-1215-1
6. Karczewski KJ, Snyder MP. Integrative omics for health and disease. *Nat Rev Genet*. 2018;19:299-310. doi.org/10.1038/nrg.2018.4
7. Ritchie MD, et al. Methods of integrating data to uncover genotype-phenotype interactions. *Nat Rev Genet*. 2015;16:85-97. doi.org/10.1038/nrg3868
8. Slobodyanyuk M, et al. Directional integration and pathway enrichment analysis for multi-omics data. *Nat Commun*. 2024;15. doi.org/10.1038/s41467-024-49986-4
9. Dugourd A, et al. Causal integration of multi-omics data with prior knowledge to generate mechanistic hypotheses. *Mol Syst Biol*. 2021;17:e9730. doi.org/10.15252/msb.20209730
10. Dixon JR, et al. Topological domains in mammalian genomes identified by chromatin interactions. *Nature*. 2012;485:376-380. doi.org/10.1038/nature11082
11. Rao SSP, et al. A 3D map of the human genome at kilobase resolution. *Cell*. 2014;159:1665-1680. doi.org/10.1016/j.cell.2014.11.021
12. Misteli T. The self-organizing genome: principles of genome architecture and function. *Cell*. 2020;183:28-45. doi.org/10.1016/j.cell.2020.09.014
13. Dekker J, et al. The 4D Nucleome Project. *Nature*. 2017;549:219-226. doi.org/10.1038/nature23884
14. Jumper J, et al. Highly accurate protein structure prediction with AlphaFold. *Nature*. 2021;596:583-589. doi.org/10.1038/s41586-021-03819-2
15. Abramson J, et al. Accurate structure prediction of biomolecular interactions with AlphaFold 3. *Nature*. 2024;630:493-500. doi.org/10.1038/s41586-024-07487-w
16. Terwilliger TC, et al. AlphaFold predictions are valuable hypotheses and accelerate but do not replace experimental structure determination. *Nat Methods*. 2024;21:110-116. doi.org/10.1038/s41592-023-02087-4
17. Lin Z, et al. Evolutionary-scale prediction of atomic-level protein structure with a language model. *Science*. 2023;379:1123-1130. doi.org/10.1126/science.ade2574
18. World Health Organization. Chronic respiratory diseases. WHO Health Topics. who.int/health-topics/chronic-respiratory-diseases
19. World Health Organization. Chronic respiratory diseases programme. who.int/teams/noncommunicable-diseases/ncds-management/chronic-respiratory-diseases-programme
20. Liu Z, et al. Immunosenescence: molecular mechanisms and diseases. *Signal Transduct Target Ther*. 2023;8:200. doi.org/10.1038/s41392-023-01451-2
21. Del Giudice G, et al. Fighting against a protean enemy: immunosenescence, vaccines, and healthy aging. *NPJ Aging Mech Dis*. 2018;4:1. doi.org/10.1038/s41514-017-0020-0
22. Leiva-Juárez MM, Kolls JK, Evans SE. Lung epithelial cells: therapeutically inducible effectors of antimicrobial defense. *Mucosal Immunol*. 2018;11:21-34. doi.org/10.1038/mi.2017.71