Enfoques Transdisciplinarios: Ciencia y Sociedad,
3(2), 209-221. ISSN. 3061-709X.
https://doi.org/10.5281/zenodo.15801534

Opinión del enfoque de las redes neuronales artificiales en el cáncer, tendencias tecnológicas y panorama general en México y el mundo

Opinion on the Artificial Neural Network Approach to Cancer, Technological Trends and Overview in Mexico and the World

Andrés Rivera-Chávez[1] y Alba Adriana Vallejo-Cardona[1*]

[1] Biotecnología Médica y Farmacéutica del Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco.

**Autor de correspondencia: Alba Adriana Vallejo-Cardona, avallejo@ciatej.mx*

Palabras clave:

Redes Neuronales Artificiales, biomoléculas, cáncer, tratamiento, diagnóstico

Resumen

Las Redes Neuronales Artificiales (RNA) son una herramienta de gran utilidad para la identificación de biomoléculas específicas que pueden ser útiles en el diseño y desarrollo de terapias y métodos de diagnóstico aplicables en la lucha contra el cáncer. Este documento de opinión resalta datos interesantes sobre el cáncer y su estudio para posibles desarrollos de tratamiento y diagnóstico de precisión, así como muestra algunos de los repositorios de datos ómicos, datos bibliográficos y de desarrollo, donde se concentra el avance científico y de desarrollo. Este conocimiento abre la posibilidad de encontrar el área de oportunidad a nivel científico y comercial para aprovechar la cantidad abrumadora de información existente del conocimiento científico generado y reportado en distintas bases de datos con el objetivo de avanzar en el área de prevención, diagnóstico y terapia contra el cáncer.

Keywords:

Artificial Neural Networks, biomolecules, cancer, treatment, diagnostic

Abstract

Artificial Neural Networks (ANNs) are powerful tools for identifying specific biomolecules, which can contribute to the design and development of novel diagnostic methods to combat cancer. This document presents recent and relevant data about cancer, highlighting the focus of current research aimed at finding a precision treatment and diagnosis. It also introduces several omics repositories, bibliographic resources, and developmental data. The integration of this knowledge opens new opportunities at both scientific and industrial levels, enabling the extraction of valuable insights from the vast amounts of available data, with the main objective of advancing prevention, diagnosis, and treatment strategies against cancer.

Recibido: 14 de febrero 2025
Revisado: 26 de mayo 2025
Aceptado: 02 de junio 2025
Publicado: 21 de julio 2025

Este artículo es un artículo de acceso abierto distribuido bajo los términos y condiciones de la licencia CC BY-NC-SA 4.0. Para ver una copia de esta licencia visite https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/

El cáncer

El cáncer es un término que se le da a un grupo de enfermedades o patologías generadas en casi cualquier órgano o tejido en donde las células tienen un crecimiento incontrolable (Schiliro & Firestein, 2021). Estas células son capaces de migrar desde su origen hacia otros sistemas dentro del organismo: a este proceso de migración lo conocemos como metástasis World Health Organization (WHO). El crecimiento celular anormal genera, por lo regular, tumores sólidos, con excepción de los cánceres originados en la sangre, como las leucemias que, por lo general, no lo hacen (Bohnenberger et al., 2015; Marofi et al., 2021). Todas estas definiciones se pueden leer en los distintos portales especializados en salud como: World Health Organization, Nacional Cancer Institute (NCI) como parte del National Institute of Health (NIH), The European Cancer Information System (ECIS) como parte de European Commission, entre otros.

En el portal del Atlas del Cáncer es posible encontrar de manera detallada la línea del tiempo sobre los hallazgos y estudios del cáncer. Ahí se describe que en el año 400 a.C., en Grecia, Hipócrates clasifica por primera vez los tumores como benignos y malignos (Rolfo C. et al., 2020), dicha terminología aún es utilizada en la clasificación de la agresividad del cáncer o neoplasia. Sin embargo, la evidencia de la presencia de células cancerígenas data de hace 4.2 millones de años encontradas en *Homo erectus*, incluso en momias egipcias datadas hasta 3000 años a.C. (The Cancer Atlas, s.f.).

Estos hallazgos resaltan que, a lo largo de la vida en este planeta, el cáncer ha estado presente y que llevamos más de 5000 años enfrentándolo como humanidad. Desde entonces, esta enfermedad ha sido tratada con remedios herbolarios, compuestos químicos con arsénico, terapias alternativas, farmacología, alimentación, acupuntura, radiación, cirugía de remoción, entre muchos otros tratamientos.

Conocimientos asociados al cáncer

Entre los siglos XVII al XVIII se estudió la relación que tenía la inflamación y la aparición del cáncer, también se propuso que la propagación de este podría ser a través de los ganglios linfáticos, lo cual conllevaba a un mal pronóstico de la supervivencia. Para 1733 se comenzaban a relacionar factores hormonales con la aparición del cáncer y, posteriormente, para 1761 y 1775 otros factores como los carcinógenos ocupacionales y el tabaco se sumaron como efectos de la aparición del cáncer. Por estas mismas fechas se pensó que el cáncer era contagioso; sin embargo, para 1830 Johannes Müller describe que los tumores se forman de células (Buja, 2021). Llegando a los 1900, con avances en el área de la genética, se comienzan a generar evidencias del origen del

cáncer como un producto de mutaciones genéticas que pueden ser transmitidas o bien adquiridas. Así mismo, para 1964 se comienza a identificar que existen también algunos agentes patógenos como virus y bacterias que pueden propiciar la aparición de tumores, tal como lo descrito por Burkitt en linfomas de niños africanos, donde el virus que lo causa es el de Epstein-Barr, el papilomavirus causante del cáncer de cérvix, la hepatitis C relacionada al cáncer de hígado, el herpes virus 8 y su relación con el sarcoma de Kaposi, la infección crónica producto de la bacteria *Helicobacter pylori* identificada como un factor importante para el cáncer de estómago, entre otros. Así mismo, se reafirmó que algunos compuestos que favorecen la aparición de anomalías en las células, provocando la aparición del cáncer, como lo son el arsénico, benceno, cadmio, mercurio, plomo, hidrocarburos clorados, naftilmina, radiaciones constantes, entre otros. Por ello, el cáncer es una patología que se considera multifactorial (The Cancer Atlas, s.f.; Hamilton & Waters, 2019).

Repositorio para consulta de avances sobre el cáncer

El cáncer se identifica de acuerdo con el órgano o tejido de origen, por lo que se ha encontrado una gran variedad de tipos de cáncer, que llegan a ser más de 100 tipos. Todos ellos pueden encontrarse descritos en el portal público Genomic Data Commons (GDC) del National Cancer Center del NIH. El repositorio de datos genéticos del GDC se derivó del programa The Cancer Genome Atlas (TCGA) - National Institute of Health. En este repositorio clínico se puede encontrar la clasificación de los tipos de cáncer de acuerdo con el órgano de origen, la etapa de desarrollo humano (infantes, adolescentes, adultos jóvenes y adultos), por género, región, entre otras clasificaciones genéticas. Otros repositorios de datos ómicos que se pueden consultar son: The Cancer Cell Line Encyclopedia (CCLE), MMRF CoMMpass Study, The Therapeutically Applicable Research to Generate Effective Treatments (TARGET), The Human Cancer Models Initiative (HCMI), Proteomic Data Commons (PDC), Cancer Imaging Program (CIP-TCIA), Catalogue of somatic Mutations In cancer (COSMIC), European Bioinformatics Institute (EMBL-EBI), entre otros (Alessandro, 2022). Así mismo, existe también un repositorio que concentra datos importantes de la epidemiología cancerígena que puede ser consultado en el Observatorio Mundial del Cáncer (GCO) (https://gco.iarc.fr/en).

Con la información que se describe en cada portal y en cada artículo generado sobre el estudio del cáncer se puede visualizar el panorama de la extensión compleja al estudiar y caracterizar el origen de esta patología, así como determinar el nivel de daño a nivel celular, el cual abarca desde un nivel genético hasta uno epigenético, ambos considerados mecanismos independientes para la generación del cáncer. El

daño genético puede ser o no hereditario debido a que pueden contribuir efectores externos ambientales para que existan mutaciones a nivel genético. El daño epigenético no daña propiamente la secuencia de los nucleótidos de ADN, si no que tiene efecto en la función de los genes, es decir que los cambios pueden ser causados por la edad o por factores ambientales como la alimentación, emocionales, ejercicio, medicamentos o las sustancias químicas, considerando hasta cierto punto cambios reversibles. El daño a nivel epigenético se considera producto de la metilación del ADN y la modificación de las histonas (Yu et al., 2024). Derivado de los cambios de metilación del ADN puede modificar la traducción hacia las proteínas, las cuales se ven envueltas de forma directa o indirecta en los diferentes procesos funcionales de las células y tejidos a través de la participación de los cambios bioquímicos en las reacciones a nivel de ADN, ARN, proteínas, péptidos entre otros biocompuestos que participan en las diferentes rutas metabólicas.

Además de las bases de datos mencionadas previamente, las cuales representan la materia prima a analizar dentro de la simbiosis entre la investigación en IA y el aterrizarla en apartados de relevancia fisiológica y biomédica, es posible observar la tendencia del conocimiento generado en los últimos años a partir de estudios individuales reportados en artículos y patentes.

Repositorios de publicaciones y patentes

Uno de los repositorios más relevantes en investigación de carácter biotecnológico es PubMed, perteneciente al NIH. En este repositorio se pueden encontrar más de 37 millones de citas en investigación biomédica a febrero del 2025, revistas científicas y libros en línea que posibilitan observar dicha tendencia. Al ser un repositorio basado en etiquetas de búsqueda, es fácil observar la tendencia de simbiosis que se está presentando en estos campos de la ciencia. Por ejemplo, al utilizar operadores lógicos en la búsqueda del repositorio "artificial intelligence" and "cancer" obtenemos casi 48 000 publicaciones de las cuáles en los últimos 5 años han sido publicadas cerca de 32 000, es decir, casi el 70% (Figura 1). De las publicaciones han sido las más recientes, lo cual va en concordancia con el auge visto en IA como los Large Language Models (LLM) generadores de respuestas inmediatas como ChatGPT, Claude, DeepSeek, entre muchos otros.

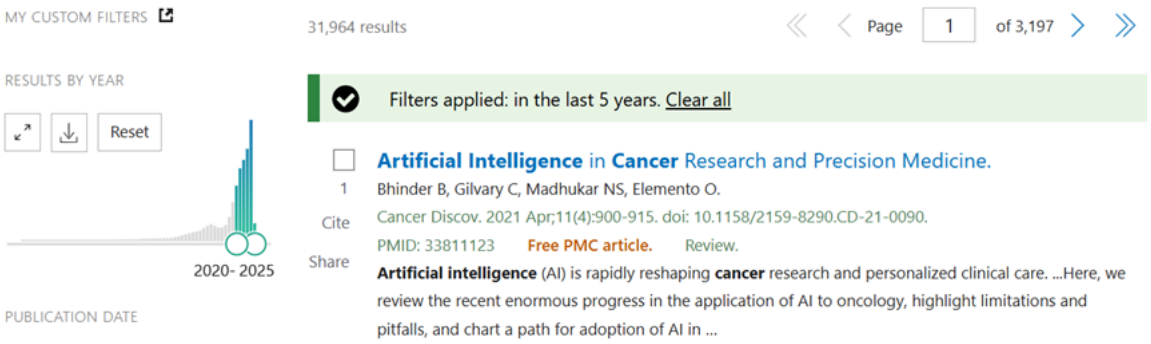

Figura 1. Búsqueda de términos relacionados a el campo de la IA y el cáncer con operadores lógicos de términos como "Artificial Intelligence" AND "cancer". Pudiendo encontrar cerca de 32 000 artículos referentes a dichos términos a febrero del 2025, con una tendencia al alza como se puede ver de lado izquierdo en la línea de tiempo

Otro de los repositorios más utilizados en investigación es el National Center for Biotechnology Information (NCBI), en él podemos encontrar información de varias índoles, bases de datos, repositorios de publicaciones que nos provee de información en ciencia y salud con acceso a información biomédica y genómica. Al usar los mismos operadores lógicos "artificial intelligence" and "cancer" fue posible llegar a los cientos de miles de resultados en 13 bases de datos diferentes (Figura 2).

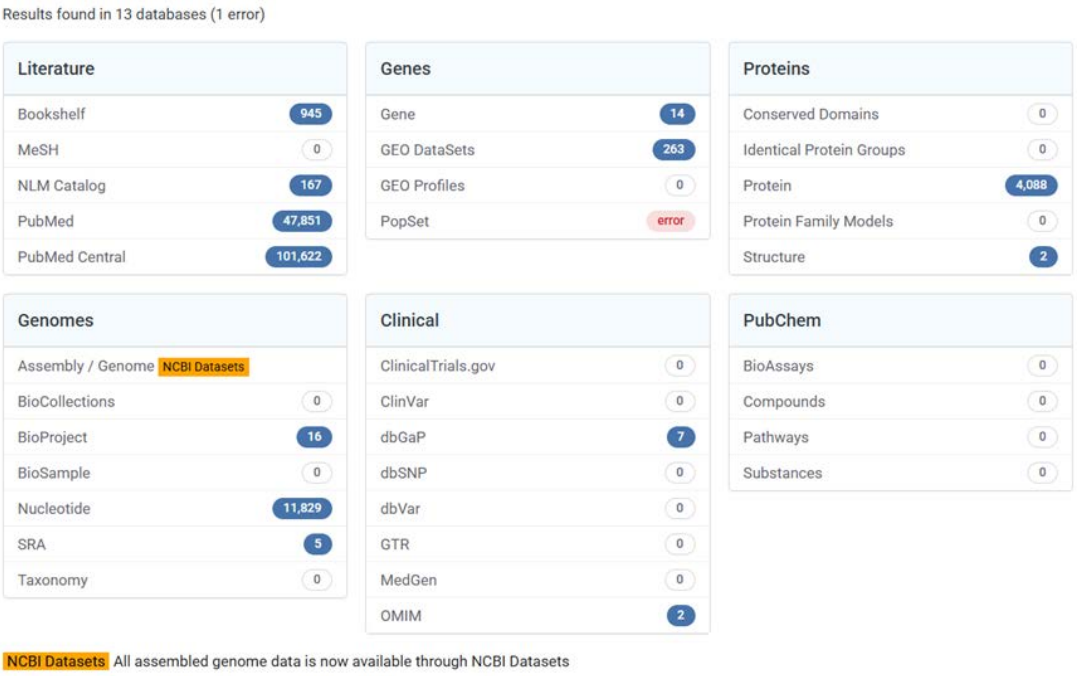

Figura 2. Resultados de bases de datos de NCBI con los términos de IA y cáncer. NCBI tiene dentro de sus repositorios más bases de datos especializadas, un ejemplo es de la literatura donde pueden encontrarse libros, revistas y artículos. En genoma se pueden encontrar los "BioProject" que son cohortes de información ómica de ciertas poblaciones con enfermedades o expuestas a distintos tratamientos. Mismo caso para Genes y Proteínas dentro de los apartados observables que dan resultados de búsqueda pudiendo descartar los ceros

Además de los repositorios basados en literatura e investigación de carácter estrictamente científico para uno o múltiples revistas, es relevante la búsqueda de información basada en patentes, las cuales han visto un despegue similar respecto a sus publicaciones. Por ejemplo, en uno de los repositorios más grandes de patentes de carácter privado como lens.org, de la misma forma con operadores lógicos, llegamos a encontrar 23, 610 patentes en las cuales podemos hacer filtros aún más específicos como aplicantes (que pueden ser universidades o empresas), años de publicación, estatus legal, jurisdicción (país o comunidad) entre otros. Lo relevante de este portal de revisión de patentes es que la gran mayoría de las patentes registradas están repartidas entre Estados Unidos (16, 352) y China (305), donde curiosamente México figura con una sola patente (Figura 3); sin embargo, es respectiva a la jurisdicción de esta, lo que se traduce en que no es realmente de origen mexicana, sino una patente originada en Estados Unidos y protegida para su explotación en México que va muy de la mano con el tema tratado.

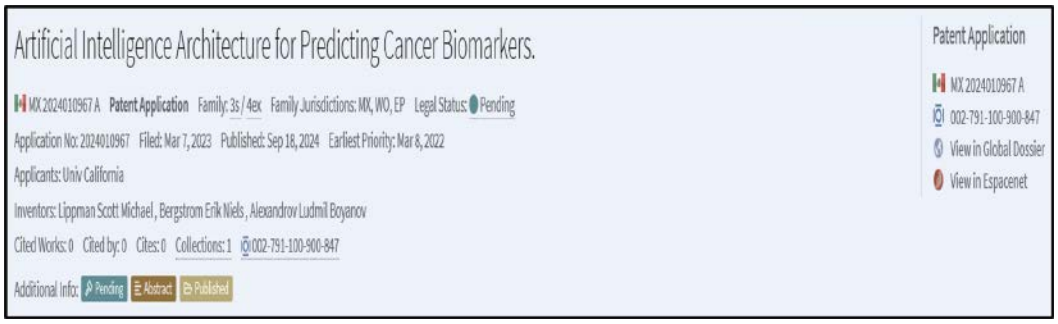

Figura 3. Única patente registrada en México referente a la búsqueda de términos

El haber mantenido ambos términos fue para mantener una cohesión entre los distintos portales, pero con la misma lógica es posible refinar aún más nuestra búsqueda aterrizándola aún más. Por ejemplo, puede usarse "artificial neural networks" and "cancer" and "biomarkers", en donde se puede observar la misma tendencia exponencial de publicaciones. En PubMed se han registrado 195 publicaciones en los últimos cinco años, siendo una disminución significativa para dilucidar la tendencia al auge de las mismas. En lens.org fue posible identificar hasta 14,685 patentes registradas. Gracias a estos indicadores es de gran importancia el abordar las tendencias de la simbiosis entre el campo de la inteligencia artificial por medio de las redes neuronales y la investigación biomédica en cáncer. Este mismo es el carácter a nivel mundial y cuando aumentamos el enfoque, por ejemplo, con el repositorio Scielo, que es más de un carácter latinoamericano y con publicaciones en español, la cantidad de publicaciones es mucho menor. Al buscar, por ejemplo, "inteligencia artificial" y "cáncer", obtenemos únicamente tres salidas: una en Argentina, una en

Chile y una referente a la Revista Panamericana de Salud Pública, el cuál es un gran nicho de oportunidad respectiva a la investigación de IA y cáncer.

Manejo de metadatos relacionados al cáncer

Un análisis exhaustivo de toda la información que se ha recopilado hasta ahora en los diferentes portales dedicados a concentrar los datos genéticos, metabólicos y proteicos del cáncer pueden ayudarnos a encontrar moléculas capaces de reparar el daño a nivel celular, membranal o del sistema a través de tratamientos regenerativos. Una manera de analizar los metadatos generados a nivel genético, proteico o metabólico para cada tipo de cáncer es la herramienta de análisis por Redes Neuronales Artificiales, la cual depende de una programación contenida dentro del amplio campo de la Inteligencia Artificial (IA), donde el algoritmo es capaz de ser entrenado y retroalimentarse a partir de fuentes de información que están siendo modificadas continuamente y garantizar que este algoritmo sea capaz de analizar la información para encontrar lo que le fue encomendado. Es por esto por lo que se busca un análisis basado en redes neuronales artificiales, para tener la finalidad de encontrar diferencias y similitudes en función o en mutación genética que sean útiles para evidenciar la participación de moléculas proteicas, ARN no codificable, péptidos, vesículas extracelulares, entre otras, para cada tipo de cáncer (Huanbutta et al., 2024).

Un acercamiento a la cantidad de información que maneja una red neuronal artificial se puede describir con el siguiente texto: El genoma humano completo cuenta con 46 cromosomas arreglados en 23 pares, identificados y descritos en 2001 a través de dos proyectos grupales lidereados por Collins F.S y Craig Venter J., cada uno de estos estudios fueron reportados en las revistas más representativas del área, *Nature y Science*, respectivamente. La identificación completa del genoma humano no fue suficiente para entender la patología del cáncer; sin embargo, ese conocimiento desencadenó nuevas preguntas y retos, ya que gracias a estos estudios se entendió que el conocimiento de los genes no era suficiente.

Para 2021, la revista *Nature*, en su volumen 590 número 7845, representó, a través de una imagen de portada, los estudios generados después de haberse identificado el genoma humano, a través del análisis de los avances científicos, estudiados y reportados para cada cromosoma y cada gen. Esta explosión de conocimiento de la misma revista es representada en un video de expansión tridimensional titulado *A network of science:150 years of Nature papers* (Baker N. 2019), donde describen cómo cada estudio reportado en esa revista se conecta a través de un análisis no solo por un área de estudio, sino entrelazando todas las áreas multidisciplinarias involucradas en el quehacer científico, como física, química, biología y demás estudios. Es impre-

sionante el poder observar de manera gráfica la cantidad de información generada y el fenómeno de expansión del conocimiento que se replica no solo con los reportes publicados en esa revista, sino también en las demás revistas científicas que reportan avances en áreas como la bioquímica y fisiopatología de las enfermedades como el cáncer, en donde claramente se están perdiendo las divisiones por área temática para el estudio, tratamiento y detección de esta enfermedad.

El análisis de los efectores principales del cáncer para encontrar terapias y diagnósticos adecuados para la identificación y tratamiento del cáncer se hace cada vez más complejo. Es por ello que las herramientas de análisis algorítmico de redes neuronales artificiales puede ser una alternativa para encontrar de una manera más eficiente las moléculas consideradas como blancos terapéuticos, las cuales ofrecen alternativas al dar dirección específica a los tratamientos o bien el encontrar biomoléculas que se consideren biomarcadores que apoyen en la identificación de manera expedita la patología que puede provocar el cáncer. La Figura 4 muestra la importancia que tiene cada una de las moléculas que se pueden considerar para el tratamiento o el diagnóstico y la cantidad de moléculas asociadas a esa clasificación, las cuales pueden ser analizadas a través del manejo de metadatos por las redes neuronales (IA). La imagen de la Figura 4 expone la cantidad aproximada de moléculas que tendrían que ser analizadas para cada patología, y dejando abierto el análisis de las moléculas que aún no se conocen. Por ejemplo, el total exacto de moléculas que intervienen en los procesos como lo son los glúcidos, por la capacidad de recombinaciones que se pueden generar para sus diferentes funciones, hasta la fecha aún no son identificados en su totalidad.

Los prótidos son moléculas asociadas a la estructura de las proteínas que se están identificando no solo con procesos convencionales de proteómica tradicional, sino a través de estudios denominados de "adelante hacia atrás", con lo que cobró gran importancia el estudio de la epigenética. Los lípidos, a pesar de existir repositorios como Lipids Maps (LIPID MAPS, s. f.), aún no se identifican todos ellos, ni tampoco se define por completo la función y el impacto que tienen sobre patologías oncológicas (Figura 3). Hoy en día continúan identificando moléculas a través de las ciencias Ómicas, bajo tratamientos experimentales para identificar su naturaleza física, química y bioquímica para definir posteriormente su función. Es en esta parte donde se llega a resultados en menos tiempo con ayuda del análisis de metadatos. El encontrar moléculas catalogadas como blancos terapéuticos o biomarcadores de manera eficiente y específica abre la posibilidad de detectar a tiempo o prevenir el cáncer (Abdel-Jaber et al., 2022).

En resumen, los modelos basados en IA de redes neuronales artificiales pueden interconectar los procesos del comportamiento a nivel genómico, epigenómico, proteómico y metabolómico durante cada uno de los tipos de cáncer, detectando el daño en alguno de los pasos del proceso de diferenciación y función, y con ello dilucidar el nivel al que se encuentra el daño en los procesos biológicos o bioquímicos que favorecen la aparición del cáncer y así poder diseñar y generar tratamientos de regeneración o activación de funciones, con el fin de encaminar el entendimiento y tratamiento del cáncer hacia una medicina de precisión (Yu et. al., 2024).

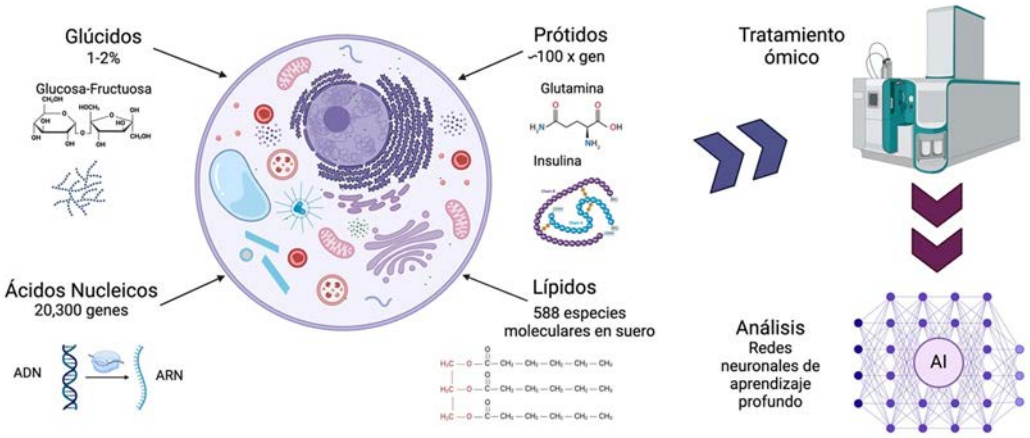

Figura 4. Clasificación de moléculas que intervienen en la función celular y que interactúan entre cada una de las células, tejidos u órganos durante el funcionamiento del organismo, sea este con un funcionamiento normal o anormal (para el caso del cáncer). Las flechas indican el proceso de la identificación a través de un tratamiento ómico y el análisis funcional con redes neuronales. Algunas de las moléculas fueron reportadas por Aebersold et. al., 2018; Quehenberger et al., 2010 y Holesh et al., 2023
Fuente: Diseño de imagen propia

Las herramientas generadas a través de la programación, utilizando Redes Neuronales, es una estrategia que se utiliza actualmente para analizar diferentes áreas del entendimiento científico. En lo que respecta al cáncer, puede ayudar para encontrar datos sobresalientes de esta enfermedad en una revisión exhaustiva de la literatura. Para ello se tienen que hablar un lenguaje de entendimiento común entre los programadores y los investigadores de las diferentes áreas que estudian el cáncer lo cual hace que se mantenga un entendimiento entre los alcances y las limitaciones que tiene la programación, por ejemplo, el origen de la base de datos con la que se alimentará el algoritmo de la red neuronal y las capas funcionales que se establezcan del algoritmo para llegar a un resultado idóneo. Esto es muy importante porque existen bases de datos de acceso libre, otras restringidas y otras que aún no se cuenta con la información, como lo que sucede con los artículos de divulgación, así que los

datos resultantes dependerán de la base de datos que se utilicen como entradas al programa. Así mismo, se deberá tener en cuenta las restricciones o consideraciones que se indiquen dentro del algoritmo para delimitar la información a analizarse, por lo que al final los resultados obtenidos por el algoritmo se deberán de analizar de manera consciente, exhaustiva y considerando las restricciones de origen para interpretar los datos desde el análisis funcional del fenómeno biológico, donde se deberá considerar el sesgo que puede generar la información del proceso informático (Lee, 2023; Alowais et. al., 2023). Este tipo de estudios puede arrojar datos interesantes como la identificación de 10 genes con mayor representación de cambio en cáncer de páncreas, al analizar 54 005 genes provenientes del portal GDC a través de un algoritmo de redes neuronales (Salgado et. al., 2024), lo que abrió la posibilidad de encontrar blancos terapéuticos a nivel genético, epigenético y proteico.

Los avances dirigidos hacia el área Terapias y Diagnóstico, utilizando los algoritmos predictivos de Redes Neuronales orientados hacia la medicina de precisión, conectan al área de investigación con la industria farmacéutica, acelerando la búsqueda de las biomoléculas con mayor relevancia en un corto tiempo, aprovechando todos los estudios científicos reportados en los portales de información que hasta ahora existen. Por lo que las principales áreas de oportunidad para la IA en la industria farmacéutica están en el descubrimiento y desarrollo de fármacos, en la optimización de fabricación de medicamentos y el avance en la medicina de precisión.

De acuerdo con el informe realizado por VLink: "What is the Role of Artificial Intelligence in Healthcare? Real-World Examples & Future Trends" en el 2023, reporta un crecimiento sostenido del 2021 al 2030 del uso de la IA en la industria de la salud con aproximadamente 40 billones de dólares anuales. En dicho reporte también destacan las áreas de salud donde se refleja la importancia de la IA y casos reales donde se ha utilizado la IA, por ejemplo, en el tratamiento oncológico realizado por IBM Watson para ayudar a los oncólogos a desarrollar planes personalizados de acuerdo con los datos de las investigaciones actuales y los datos del paciente. Netscribes.com comunica, a través de una nota, las aplicaciones principales de la IA en la industria farmacéutica, destacando algunas empresas que actualmente ya utilizan la tecnología basada en IA para sus desarrollos, abarcando Start ups y Tech Companies (VLink, 2023; Netscribes.com, 2023).

Conclusiones

El ambiente multifactorial que prevalece alrededor de la aparición y el desarrollo del cáncer ha generado una cantidad considerable de información tanto para consulta como para el análisis de la fuente y el entendimiento de su interconexión biofuncional y patológica.

La compartimentalización de la información en los distintos repositorios hace que la búsqueda y la integración se vuelva una tarea ardua y tardada, lo que genera sesgos para el desarrollo de terapias y dispositivos de diagnóstico y prevención. Sin embargo, la intervención de un manejo acertado de metadatos podría ser una herramienta poderosa para el avance de los desarrollos para la prevención y el tratamiento del cáncer, a través de interconectar funciones y modificaciones estructurales y con ello encontrar moléculas bioactivas óptimas para los desarrollos contra el cáncer.

Y como se puede apreciar, la complejidad que se tiene tanto para el diseño de la estrategia de análisis bioinformático de los metadatos y los desarrollos de aplicación que se pueden generar, es indispensable que los investigadores, empresarios y gobierno generen redes de colaboración mundial para los desarrollos de algoritmos de Redes Neuronales con análisis en IA útiles para el estudio, diagnóstico y tratamiento del cáncer, ya que esta patología también depende de la región y la etnia.

Referencias

Aebersold, R., Agar, J.N., Amster, I.J., Baker, M.S., Bertozzi, C.R., Boja, E.S., Costello, C.E., Cravatt, B.F., Fenselau, C., Garcia, B.A., Ge, Y., Gunawardena, J., Hendrickson, R.C., Hergenrother, P.J., Huber, C.G., Ivanov, A.R., Jensen, O.N., Jewett, M.C., Kelleher, N.L., Kiessling, L.L., Krogan, N.J., Larsen, M.R., Loo, J.A., Ogorzalek Loo. R.R., Lundberg, E., MacCoss, M.J., Mallick, P., Mootha, V.K., Mrksich, M., Muir, T.W., Patrie, S.M., Pesavento, J.J., Pitteri, S.J., Rodriguez, H., Saghatelian, A., Sandoval, W., Schlüter, H., Sechi, S., Slavoff, S.A., Smith, L.M., Snyder, M.P., Thomas, P.M., Uhlén, M., Van Eyk, J.E., Vidal, M., Walt, D.R., White, F.M., Williams, E.R., Wohlschlager, T., Wysocki, V.H., Yates, N.A., Young, N.L., & Zhang, B. (2018). How many human proteoforms are there? *Nature Chemical Biology, 14*(3), 206-214. https://doi.org/10.1038/nchembio.2576.

Abdel-Jaber, H., Devassy, D., Al Salam, A., Hidaytallah, L. & EL-Amir, M. (2022). A Review of Deep Learning Algorithms and Their Applications in Healthcare. *Algorithms, 15*(2), 71. https://doi.org/10.3390/a15020071

Alowais, S. A., Alghamdi, S. S., Alsuhebany, N., Alqahtani, T., Alshaya, A. I., Almohareb, S. N., Aldairem, A., Alrashed, M., Saleh, K. B., Badreldin, H. A., Al Yami, M. S., Harbi, S. A. & Albekairy, A. M. (2023). Revolutionizing healthcare: the role of artificial intelligence in clinical practice. *BMC Medical Education, 23*, 689. https://doi.org/10.1186/s12909-023-04698-z

Baker, N. (2019). A network of science:150 years of Nature papers. Exclusive analysis explores Nature's multidisciplinary history. *Nature Video*. doi.org/10.1038/d41586-019-03325-6.

Bohnenberger, H., Ströbel, P., Mohr, S., Corso, J., Berg, T., Urlaub, H., Lenz, C., Serve, H., & Oellerich, T. (2015). Quantitative mass spectrometric profiling of cancer-cell proteomes derived from liquid and solid tumors. *Journal of visualized experiments : JoVE*, (96), e52435. https://doi.org/10.3791/52435

Buja, L.M. (2021). The cell theory and celular pathology: Discovery, refinements and applications fundamental to advances in biology and medicine. *Experimental and Molecular Pathology, 121*. 104660. https://doi.org/10.1016/j.yexmp.2021.104660

Hamilton J. G., Waters E. A. (2017). How are Multifactorial Beliefs about the Role of Genetics and Behavior in Cancer Causation associated witj Cancer Risk Cognitions and Emotions in the U.S. Population? *Psychooncology, 27*(2), 640-647. https://doi.org/10.1002/pon.4563.

Holesh, J.E., Aslam, S., & Martin, A. (2023). Physiology, Carbohydrates. *StatPearls* [internet]. Recuperado de https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK459280/

Huanbutta, K., Burapapadh, K., Kraisit, P., Sriamornsak, P., Ganokratanaa, T., Suwanpitak, K., & Sangnim, T. (2024). Artificial intelligence-driven pharmaceutical industry: A paradigm shift in drug discovery, formulation development, manufacturing, quality control, and post-market surveillance. *European Journal of Pharmaceutical Sciences, 203*, 106938. https://doi.org/10.1016/j.ejps.2024.106938

Instituto Nacional del Cáncer. (2021). *¿Qué es el cáncer?* Recuperado de https://www.cancer.gov/espanol/cancer/naturaleza/que-es

Laganá, A. (2022). *Computational Methods for Precision Oncology*. Springer Nature. https://doi.org/10.1007/978-3-030-91836-1

Lee, M. (2023). Deep Learning Techniques with Genomic Data in Cancer Prognosis: A Comprehensive Review of the 2021–2023 Literature. *Biology, 12*(7), 893. https://doi.org/10.3390/biology12070893

LIPID MAPS. (s. f.). *LIPID MAPS® Lipidomics Gateway*. Consultado el 10 de febrero del 2025 de https://www.lipidmaps.org/

Marofi, F., Tahmasebi, S., Rahman, H.S., Kaigorodov D., Markov A., Yumashev A.V., Shomali N., Chartrand M.S., Pathak Y., Mohammed R. N., Jarahian M., Motavalli R., Khiavi F.M. (2021). Any closer to successful therapy of multiple myeloma? CAR-T cell is a good reason for optimism. *Stem Cell Research & Therapy, 12*, 217. https://doi.org/10.1186/s13287-021-02283-z

National Library of Medicine. (s. f.). *artificiall intelligence and cancer*. Consultado el 07 de febrero del 2025 de https://www.ncbi.nlm.nih.gov/search/all/?term=artificial+intelligence+and+cancer

Netscribes.com. (2023). *Applications of Artificial Intelligence in the Pharmaceutical Industry*. Recuperado de https://www.netscribes.com/pharma-industry-trends-and-outlook-for-2023/

PubMed. (s. f.). artificial neural networks and cancer and biomarkers. https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/?term=artificial+neural+cual%20es%20tworks+and+cancer+and+biomarkers.

Quehenberger, O., Armando, A. M., Brown, A. H., Milne, S. B., Myers, D. S., Merrill, A. H., Bandyopadhyay, S., Jones, K. N., Kelly, S., Shaner, R. L., Sullards, C. M., Wang, E., Murphy, R. C., Barkley, R. M., Leiker, T. J., Raetz, C. R., Guan, Z., Laird, G. M., Six, D. A., Russell, D. W., … Dennis, E. A. (2010). Lipidomics reveals a remarkable diversity of lipids in human plasma. *Journal of lipid research, 51*(11), 3299–3305. https://doi.org/10.1194/jlr.M00944

Rolfo Xh., Cardona A. F., Ruíz A. (2020) Precursores de la investigación en cáncer y de la oncología. *Medicina, 42*(4). https://doi.org/10.56050/01205498.1560

Salgado, I., Prado Montes de Oca, E., Chairez, I., Figueroa-Yáñez, L., Pereira-Santana, A., Rivera Chávez, A., Velázquez-Fernandez, J. B., Alvarado Parra, T., & Vallejo, A. (2024). Deep Learning Techniques to Characterize the RPS28P7 Pseudogene and the Metazoa-SRP Gene as Drug Potential Targets in Pancreatic Cancer Patients. *Biomedicines, 12*(2), 395. https://doi.org/10.3390/biomedicines12020395

Schiliro, C., & Firestein, B. L. (2021). Mechanisms of Metabolic Reprogramming in Cancer Cells Supporting Enhanced Growth and Proliferation. *Cells, 10*(5), 1056. https://doi.org/10.3390/cells10051056

Schiliro, C., & Firestein, B. L. (2022). Correction: Schiliro, C.; Firestein, B.L. Mechanisms of Metabolic Reprogramming in Cancer Cells Supporting Enhanced Growth and Proliferation. *Cells* 2021, *10*, 1056. *Cells, 11*(22), 3593. https://doi.org/10.3390/cells11223593

The Cancer Atlas. (s. f.). *History of Cancer*. Recuperado de https://canceratlas.cancer.org/history-cancer/

VLink. (2023). *What is the Role of Artificial Intelligence in Healthcare? Real-World Examples & Future Trends*. Recuperado de https://vlinkinfo.com/blog/artificial-intelligence-in-clinical-practice/.

Yu, X., Zhao, H., Wang, R., Chen, Y., Ouyang, X., Li, W., Sun, Y & Peng, A. (2024). Cancer epigenetics: from laboratory studies and clinical trials to precision medicine. *Cell Death Discovery, 10*, 28. https://doi.org/10.1038/s41420-024-01803-z