

Image not found

## Una competición global pone a prueba herramientas para analizar el movimiento de moléculas individuales

Dentro de las células vivas, las moléculas están en constante movimiento: uniéndose, difundiéndose, interactuando. Comprender estos procesos es esencial para entender en profundidad el comportamiento de las células. Una competición internacional en la que el ICFO ha participado activamente ha proporcionado una comparación sistemática de métodos analíticos para el análisis del movimiento de moléculas individuales, destacando tanto las fortalezas actuales como los desafíos urgentes en este campo en rápida expansión. Los resultados se han publicado recientemente en *Nature Communications*.

July 28, 2025

---

En el intrincado mundo dentro de las células vivas, el movimiento molecular revela pistas cruciales sobre cómo las células funcionan, se comunican y, a veces, fallan. Pero extraer información significativa de estas trayectorias moleculares complejas es un desafío formidable, que ha impulsado una carrera global por el desarrollo y la mejora de herramientas analíticas.

Ahora, un equipo internacional de científicos liderado por el Dr. Gorka Muñoz de la Universidad de Innsbruck, el Prof. Dr. Giovanni Volpe de la Universidad de Gotemburgo y el Prof. Dr. Carlo Manzano de la Universidad de Vic, con la colaboración de los investigadores del ICFO **Gabriel Fernandez-Fernandez**, el **Dr. Borja Requena** y el **Prof. ICREA Maciej Lewenstein**, ha organizado una competencia para evaluar sistemáticamente estas herramientas. Sus hallazgos, recién publicados en *Nature Communications*, ofrecen una evaluación sin precedentes de las fortalezas y debilidades de los enfoques existentes.

### Poniendo a prueba los métodos

La toma de imágenes de moléculas individuales se ha convertido en una técnica esencial en la biología celular y la biofísica modernas. Al rastrear moléculas individuales en células vivas, los investigadores pueden estudiar procesos fundamentales como las interacciones proteicas, los mecanismos de transporte y el amontonamiento molecular. Sin embargo, analizar los datos resultantes -ya sea en forma de trayectorias de partículas o videos en

bruto- requiere metodos computacionales sofisticados. La mayoría de estos enfoques se basa en algoritmos de aprendizaje automatico que se refinan continuamente para detectar patrones, clasificar tipos de movimiento y extraer parametros significativos de datos experimentales ruidosos.

Para abordar la falta de parametros de referencia objetivos, el equipo diseno una competicion, el 2º AnDi Challenge, utilizando una biblioteca de software que simula dato experimentales realistas. Estas simulaciones incorporaron modelos de difusion e interaccio ampliamente utilizados, bajo condiciones que imitan las de experimentos reales. Grupos d investigacion de todo el mundo aplicaron sus mejores herramientas para analizar el mism conjunto de datos. En base a sus resultados, los equipos participantes -y, por ende, lo metodos que desarrollaron- fueron clasificados

### **Fortalezas y desafios actuales**

¿La competicion revelo un progreso claro en algunas areas, pero tambien desta o limitaciones significativas en otras? resume el Dr. Gorka Munoz-Gil, investigador d la Universidad de Innsbruck y autor principal del articulo. ¿Es importante tener una magen cuantitativa de que tan bien -o mal- funcionan los metodos actuales en una varie ad de escenarios realist s. Mas alla de clasificar herramientas existentes, la competencia busca impulsar la inn vacion. Al identificar donde fallan los metodos, los investigadores esperan fomentar el desar ollo de nuevos enfoques que puedan descifrar con mayor precision el ruidoso y heterogen o mundo del movimiento mo

### **Guia para la comunidad**

Los resultados ofrecen una guia practica para los experimentadores que buscan las herramientas adecuadas para sus estudios. ¿Queremos ayudar a los investigadores a orientarse en el creciente panorama de metodos analiticos y elegir los que mejor se adapt n a sus datos? dice el Prof. Dr. Carlo Manzo, autor senior del articulo de la Universida de ic. Esta no es la primera vez que la comunidad acepta el desafio. La primera edicion del nDi Challenge, centrada en la difusion anomala, proporciono informacion critica que dio form al desarrollo del campo. La segunda edicion amplia este esfuerzo, centrandose ahora en los cambios de movimiento y en condiciones experimentales relevantes biologicame te. Con los rapidos avances en tecnologias de imagen y adquisicion de datos, la necesida de metodos de analisis fiables nunca ha sido mayor. Iniciativas como esta competi cion proporcionan una hoja de ruta esencial para investigadores, desarrolladores de softwa e y experimentadores por igual, ayudando a garantizar que las historias moleculares captur das bajo el microscopio se interpreten con precision y en su totalidad. El software de libre ac eso sienta las bases para futuros proyectos e invita a la comunidad a contribuir con nu

vas innovacio

**Referencia:**

Munoz-Gil, G., Bachimanchi, H., Pineda, J. et al. Quantitative evaluation of methods to analyze motion changes in single-particle experiments. Nat Commun 16, 6749 (2025).

DOI: <https://doi.org/10.1038/s41467-025-61949-x>

Image not found

Trajectoria d'una partícula biològica que es desplaça a través de dues regions diferents de l'espai, cadascuna amb propietats físiques diferents que modifiquen la manera com es difon la partícula. Credit: Gorka Munoz-Gil, Universitat d'Innsbruck.