

1207

UTILIZAÇÃO DO MACHINE LEARNING NA CLASSIFICAÇÃO DE ALTERAÇÕES CELULARES EM AMOSTRAS DE CARCINOMA HEPATOCELULAR

CATEGORIA DO TRABALHO: PESQUISA

Jordan Boeira Dos Santos, Tony Alexandre Medeiros, Rodrigo Tzovenos Starosta, João Luiz Azevedo de Carvalho, Francisco Assis de Oliveira Nascimento, Carlos Thadeu Schmidt Cerski, Rúbia Denise Ruppenthal

HOSPITAL DE CLÍNICAS DE PORTO ALEGRE

Introdução: O machine learning fornece técnicas e modelos computacionais que permitem auxiliar o patologista na identificação e classificação de tecidos tumorais e adjacentes ao tumor de pacientes acometidos por carcinoma hepatocelular (CHC). Além da morfometria nuclear e a análise da textura da cromatina, outras características quantitativas difíceis de serem identificadas à microscopia têm sido extraídas de imagens histológicas, tornando possível a detecção de alterações celulares diferenciais. Os resultados obtidos em testes iniciais revelam métodos promissores, de baixa complexidade e não invasivos na análise histológica. Objetivo: Aplicar técnicas de machine learning na classificação de alterações celulares a partir de características extraídas de amostras de CHC. Métodos: Utilizamos um dataset com imagens histológicas obtidas de 106 amostras (34 de tecido tumoral e 72 de tecido não-tumoral adjacente ao tumor). Em seguida, submetemos essas imagens a Machine Learning Platform (MLP) onde inicialmente foi executado o extrator de características. As 106 amostras foram divididas em conjunto de treinamento (80% das imagens) e conjunto de testes (20%). As imagens do conjunto de treinamento foram aumentadas em 3 vezes por meio de adição de ruído gaussiano. Finalmente, os algoritmos AdaBoost Classifier, Bagging Classifier, Randon Forest e Histogram-based Gradient Classifier foram executados com abordagem de validação cruzada. Resultados: Obtivemos a extração de 497 características para cada amostra, dentre elas: características de primeira ordem, histograma, forma, textura, padrão binário local, momentos de HU, momentos de Zernike e momentos de Halarik. As métricas de acurácia, especificidade, sensibilidade e precisão foram calculadas para demonstrar a performance dos modelos propostos, resultando nos seguintes valores: i) Random Forest (99.05%,100.00%,97.14%,100.00%); ii) Histogram-Based Gradient Classifier (98.10%,97.65%,100.00%,93.33%); iii) AdaBoost Classifier (97.15%,100.00%,91.43%,100.00%) e iv) Bagging Classifier (97.14%,97.50%,96.00%,93.33%). Conclusão: As técnicas de machine learning apresentadas permitem a extração de descritores e discriminam adequadamente as alterações celulares em amostras de CHC, sendo uma ferramenta promissora para uso futuro em laboratórios de patologia.

1345

REPOSITIONING ANALYSIS OF MUCOPOLYSACCHARIDOSES-RELATED DRUGS BASED ON TRANSCRIPTIONAL SIGNATURES

CATEGORIA DO TRABALHO: PESQUISA

Gerda Cristal Villalba Silva, Ursula Matte

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL

HOSPITAL DE CLÍNICAS DE PORTO ALEGRE

Secondary cell disturbance in Mucopolysaccharidoses (MPS), a group of lysosomal storage diseases, affects pathways common to cancer. In this study, drug repurposing strategies were applied to target genes up or downregulated in these common MPS-oncogenic pathways. We used datasets of MPS human expression studies - GSE111906 (MPS I), GSE32154 (MPS IIIB), and GSE23075 (MPS IIIB). STITCH v.5 and Cytoscape v.3.8.2, were used with the Cytohubba v. 0.1 plugins. The Drug Gene Budger v.1.0 (L1000 and CMAP databases) was used to identify drugs and small molecules to regulate the expression of the top target genes. The network was composed of 244 nodes, 13 of them related to drugs, and 1824 edges. We obtained 42 hub genes. For the 24 up-regulated genes, the top enriched compounds were mitoxantrone, tretinoin, trichostatin-a, and vorinostat. For the 18 down-regulated genes, triptolide and vorinostat were the most frequent compounds targeting the overexpressed genes. The most frequent compound of the down and upregulated genes was vorinostat. Our results suggest that these drugs may be particularly promising for intervention. Furthermore, the list of drugs and related MPS enriched genes could be useful not only as new treatments but also considered for pathophysiological studies.