

Análises de lesão de alto e baixo grau de colo de útero utilizando Machine Learning

Autor(res)

Henrique César Santejo Silveira

Adriana Lima Marin Ferraz

Categoria do Trabalho

Trabalho Acadêmico

Instituição

CENTRO UNIVERSITÁRIO ANHANGUERA DE SÃO PAULO

Resumo

O termo Câncer, (CA), é utilizado para apresentar um conjunto de doenças malignas, caracterizada por um crescimento anormal de células que sofrem alterações em seu material genético. CA de colo de útero é o segundo com maior incidência entre as mulheres, perdendo apenas ao CA mama.

A infecção ocorre através do fator oncogênico do Papiloma Vírus Humano (HPV), podendo ser apontado como um dos principais fatores causais do CA de colo de útero, sua linhagem é catalogados mais de 200 tipos sendo considerados de alto risco HPV16 e 18. Nos últimos anos o processo de metilação do DNA que ocorre nas regiões promotoras dos genes emergiu como um importante mecanismo epigenético, que participa do desenvolvimento do CA de colo de útero.

neste estudo avaliaremos futuramente se o algoritmo de machine learning Random Forest, será capaz de separar as mulheres com lesão de alto e baixo grau utilizando os perfis de metilação do DNA.

Metodologia, estudo observacional transversal, na primeira parte deste estudo foram analisadas 407 amostras de citologia cervical de mulheres, o DNA foi extraído e um painel de 18 genes supressores tumorais foi analisado por PCR em tempo real, na segunda etapa deste estudo os perfis de metilação serão utilizados para modelagem de algoritmos de machine learning como o random forest para selecionar através da metilação do DNA os grupos de mulheres com lesão de alto e baixo grau.

observou-se uma diferença significativa de acordo com o resultado do teste de HPV alto risco, os valores de perfil de metilação foram significativamente maiores na presença de infecção viral.

Neste projeto espera-se a implementação do aprendizado de máquina na definição de lesões de alto e baixo grau a partir de dados moleculares.