



XXXV SALÃO de INICIAÇÃO CIENTÍFICA

6 a 10 de novembro

Evento	Salão UFRGS 2023: SIC - XXXV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2023
Local	Campus Centro - UFRGS
Título	Abordagens de Machine Learning para análise de dados multi-ômicos de câncer de pulmão
Autor	JULIANA GABRIELA PASSINATO COELHO
Orientador	MARCIO DORN

“Abordagens de Machine Learning para análise de dados multi-ômicos de câncer de pulmão”

Autor: Juliana Gabriela Passinato Coelho

Orientador: Prof. Dr. Márcio Dorn

Coorientadora: Dra. Joice de Faria Poloni

Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS).

O câncer de pulmão é o segundo câncer mais diagnosticado no mundo, com 2.2 milhões de novos casos e 1.79 milhões de óbitos a cada ano, é o tipo de câncer com mais mortes relacionadas no mundo tanto para homens como para mulheres. A técnica mais efetiva atualmente para o diagnóstico é a obtenção de imagem por tomografia computadorizada porque ela permite descobrir o tamanho e localização do nódulo. Entretanto, esse método tem alto custo e apresenta altas taxas de falsos positivos, que faz com que os pacientes passem por outros exames invasivos, muitas vezes, sem necessidade. Os biomarcadores têm sido utilizados como preditores de resposta a terapia para alvos moleculares como mutações ativadoras do gene EGFR e rearranjos em ALK e ROS1. Outros biomarcadores têm sido testados para o diagnóstico, entretanto a sensibilidade que apresentam é baixa. Esse projeto visa explorar os resultados de uma integração multi-ômica entre dados de expressão gênica e mutações somáticas para a obtenção de biomarcadores. Os dados são provenientes de um banco de dados público, que foram obtidos por RNA-seq de tecidos tumorais e tecido adjacente não-tumoral. A partir do RNA-seq foram obtidas a expressão gênica e mutações somáticas, que passaram por abordagens de *machine learning* para a seleção de características importantes para diferenciar a condição da amostra. Com as características selecionadas da expressão gênica (68 genes) foi construída uma rede de interação proteína-proteína e posterior análise de centralidades, módulos e processos biológicos enriquecidos. Genes e ontologias gênicas importantes para o câncer de pulmão foram encontrados.