Métodos descriptivos supervisados

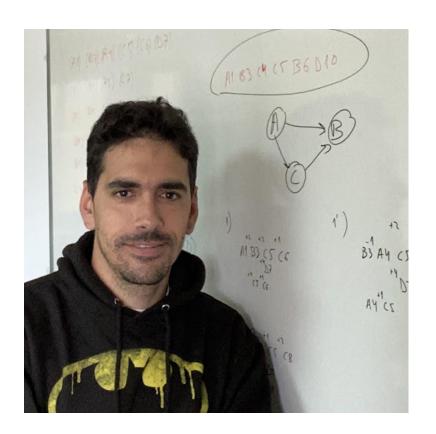
Máster en Ciencia de Datos





José María Luna

recibió el título de Doctor en Ciencias de la Computación en 2014, por la Universidad de Granada. carrera investigadora fue inicialmente subvencionada por el Ministerio de Educación de España bajo el programa FPU (predoctoral) y el programa Juan de la Cierva (postdoctoral). Actualmente es profesor de la Universidad de Córdoba en el departamento de Informática y Análisis Numérico. Dr. Luna ha sido autor de los libros monográficos"Pattern Mining with Evolutionary Algorithms" y "Supervised Descriptive Pattern Mining", ambos publicados por la editorial Springer. Además, ha publicado más de 30 artículos en revistas científicas de alto impacto. Actualmente tiene un total de 2268 citas en Google Scholar y un índice H de 25. Su investigación es llevada a cabo en el grupo de investigación Knowledge Discovery and Intelligent Systems, donde investiga temas relativos a computación evolutiva, minería de patrones, reglas de asociación y sus aplicaciones.



UNIVERSIDAD Ð CÓRDOBA

Aplicaciones de métodos descriptivos (Parte 1)





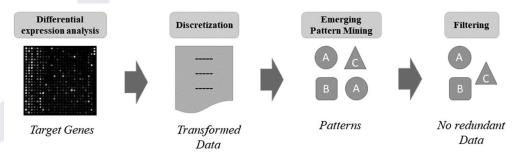
- Introducción
 - En salud, se suele trabajar con hipótesis de partida, y las investigaciones se centran en corroborar que la hipótesis de partida es cierta o no
 - Existe sesgo en la extracción de conocimiento
 - El uso de técnicas de minería de patrones permiten trabajar sobre los datos sin tener ningún conocimiento previo.
 - El análisis se realiza sobre el conjunto total de datos, sin existir un sesgo
 - Permite descubrir conocimiento novedoso sobre el que trabajar en el futuro
 - Técnicas descriptivas han sido muy utilizadas en ámbitos de salud
 - Reglas de asociación
 - Descubrimiento de subgrupos
 - Patrones emergentes
 - etc



- Uso de métodos descriptivos aplicados a expresiones génicas
 - R. Vengateshkumar, S. Alagukumar, R. Lawrance. Boolean Association Rule Mining on Microarray Gene Expression Data. Springer 2020:99-111.
 - A. L. Boulesteix, G. Tutz, K. Strimmer. A CART-based approach to discover emerging patterns in microarray data. Bioinformatics. 2003; 19(18): 2465-2472.
 - J. Li, L. Wong. Identifying good diagnostic gene groups from gene expression profiles using the concept of emerging patterns. Bioinformatics. 2002; 18(5):725-734.



- Uso de patrones emergentes para comprender el comportamiento del cancer
 - Improving the understanding of cancer in a descriptive way: An emerging pattern mining-based approach. Antonio Manuel Trasierras, José María Luna, Sebastián Ventura. https://doi.org/10.1002/int.22503





- Uso de patrones emergentes para comprender el comportamiento del cancer
 - Tipos de cáncer considerando <u>Jumping Emerging Patterns</u>:
 - Mama
 - Cólon
 - Pulmón
 - Tiroides
 - Próstata
 - Riñón



• Uso de patrones emergentes para comprender el comportamiento

del cancer

• Cancer de mama:

ID	Patterns	Coverage (% of data)
1	DLGAP5 = EH, TPX2 = EH, KIF20A = EH, KIF2C = EH, CDCA8 = EH, HMMR = EH,	36.84
	${\rm KIF23} = {\rm EH,\ TTK} = {\rm EH,\ SKA3} = {\rm EH,\ CDCA5} = {\rm EH,\ KIFC1} = {\rm EH,\ SKA1} = {\rm EH,\ }$	
	C15orf42 = EH, AURKB = EH	
2	$TOP2A = EH, \ CDC6 = EH, \ STIL = EH, \ CKAP2L = EH, \ KIF15 = EH, \ KIFC1 = EH,$	40.35
	SKA1 = EH, NCAPG2 = EH, LMNB1 = EH, ATAD5 = EH, BRCA1 = EH	
3	${\rm KIF23} = {\rm EH,\ CCNA2} = {\rm EH,\ SPC25} = {\rm EH,\ PLK4} = {\rm EH,\ RAD51} = {\rm EH,\ RACGAP1} = {\rm EH,\ }$	43.86
	FAM54A = EH, C15orf23 = EH	
4	THBS2 = EH, COL5A2 = EH, COL1A1 = EH, COL3A1 = EH, COL5A1 = EH, COL1A2 = EH	57.89
5	CCNB1 = EH, $BUB1B = EH$, $KIF11 = EH$, $PRC1 = EH$, $ARHGAP11A = EH$	61.40
6	RBM28 = EH, $NOL10 = EH$, $NUP85 = EH$, $XPO1 = EH$	64.91
7	GIMAP6 = EL, $STARD8 = EL$, $TLR4 = EL$, $RAB8B = EL$	85.96
8	C1QA = EL, C1QB = EL, IFI30 = EL	92.98
9	ITLN2 = EL, $SLC6A4 = EL$	94.74
10	MGC29506 = EH, TNFRSF17 = EH	98.25
11	EPM2A = EL, FAM13B = EL	100.00

Note: The labels next to the genes refer to gene expression values: extremely low (EL), low (L), medium (M), high (H) and extremely high (EH).

) Ð CÓRDOBA



