

## TRABAJO FIN DE MÁSTER

MÁSTER UNIVERSITARIO OFICIAL EN CIENCIA DE DATOS E  
INGENIERÍA DE COMPUTADORES

# Epidemiología y detección de biomarcadores en cáncer

### Autor:

Daniel Redondo Sánchez

### Tutores:

Ignacio Rojas

Luis Javier Herrera

Daniel Castillo

Granada, septiembre de 2020



**UNIVERSIDAD  
DE GRANADA**



# 0. Índice general

---

<b>Abstract</b>	<b>5</b>
<b>1. Introducción</b>	<b>7</b>
1.1. Objetivos del trabajo . . . . .	7
1.2. ¿Qué es el cáncer? . . . . .	7
1.2.1. Cáncer de hígado . . . . .	8
1.2.2. Cáncer de colon-recto . . . . .	10
1.3. Ómicas . . . . .	11
1.3.1. Introducción a las ómicas . . . . .	11
1.3.2. Genómica . . . . .	12
1.3.3. Transcriptómica . . . . .	12
<b>2. Epidemiología del cáncer</b>	<b>13</b>
2.1. Indicadores epidemiológicos . . . . .	13
2.2. Fuentes de información . . . . .	13
2.3. Incidencia de cáncer . . . . .	14
2.3.1. Metodología . . . . .	14
2.3.2. Incidencia del total del cáncer excepto piel no melanoma .	16
2.3.3. Incidencia de cáncer de hígado . . . . .	18
2.3.4. Incidencia de cáncer de colon-recto . . . . .	19
2.4. Mortalidad por cáncer . . . . .	20
2.4.1. Metodología . . . . .	20
2.4.2. Mortalidad del total del cáncer excepto piel no melanoma .	20
2.4.3. Mortalidad de cáncer de hígado . . . . .	22
2.4.4. Mortalidad de cáncer de colon-recto . . . . .	23
2.5. Supervivencia de cáncer . . . . .	24
2.6. Prevalencia de cáncer . . . . .	24
<b>3. Machine learning aplicado a transcriptómica</b>	<b>27</b>
3.1. Algoritmos de selección de características . . . . .	27

---

3.1.1. Mínima redundancia máxima relevancia (mRMR) . . . . .	28
3.1.2. <i>Random forest</i> (RF) . . . . .	29
3.1.3. Asociación de enfermedades (DA) . . . . .	29
3.2. Algoritmos de clasificación . . . . .	29
3.2.1. Máquinas de soporte vectorial (SVM) . . . . .	30
3.2.2. <i>Random Forest</i> (RF) . . . . .	30
3.2.3. k-vecinos más cercanos (kNN) . . . . .	31
3.2.4. Medidas de evaluación de algoritmos de clasificación . . . . .	31
<b>4. Detección de biomarcadores en cáncer de hígado y colon-recto</b>	<b>33</b>
4.1. Objetivos . . . . .	33
4.2. Metodología . . . . .	33
4.2.1. Fuente de datos . . . . .	33
4.2.2. Análisis . . . . .	35
4.3. Características clínicas de los tumores . . . . .	36
4.3.1. Características clínicas para cáncer de hígado . . . . .	37
4.3.2. Características clínicas para cáncer de colon-recto . . . . .	40
4.4. Resultados de clasificación biclase para cáncer de hígado . . . . .	43
4.4.1. Entrenamiento de modelo . . . . .	43
4.4.2. Validación en test . . . . .	50
4.5. Resultados de clasificación multiclase para cáncer de hígado . . . . .	50
4.6. Resultados de clasificación biclase para cáncer de colon-recto . . . . .	50
4.7. Resultados de clasificación multiclase para cáncer de colon-recto . . . . .	50
4.8. Conclusiones . . . . .	50
<b>5. biomaRcadors: una aplicación web interactiva para detección de biomarcadores</b>	<b>51</b>
5.1. Desarrollo de la aplicación . . . . .	51
5.2. Utilidades de la aplicación . . . . .	51
<b>6. Conclusiones y líneas abiertas de trabajo</b>	<b>53</b>
<b>Bibliografía</b>	<b>54</b>

## **Abstract**

Abstract en inglés. Keywords.

## **Resumen**

Abstract en español. Palabras clave.



## 1. Introducción

---

### 1.1. Objetivos del trabajo

En el presente Trabajo Fin de Máster se analiza la epidemiología de los cánceres de hígado y colon-recto y se detectan genes que permiten identificar tumores.

- En el capítulo 1 se presenta la introducción al cáncer y a las ciencias ómicas.
- En el capítulo 2 se describe la epidemiología del cáncer de hígado y colon-recto para comprender el impacto de estos tumores.
- En el capítulo 3 se analizan técnicas de *machine learning* con aplicación en transcriptómica.
- En el capítulo 4 se detectan genes que permiten diferenciar entre personas sanas y personas con cáncer.
- En el capítulo 5 se presenta una aplicación web que permite realizar la detección de biomarcadores.
- En el capítulo 6 se muestran las principales conclusiones del trabajo y se muestran líneas abiertas de trabajo.

### 1.2. ¿Qué es el cáncer?

El cáncer es una enfermedad en la que se produce una división incontrolada de las células [1]. Aunque generalmente se habla del cáncer como una única enfermedad, se trata en realidad de un conjunto de enfermedades multifactoriales, existiendo más de 100 tipos distintos de cáncer [2].

En general, el proceso de creación del cáncer es complejo y multifactorial: a menudo el causante no es un solo elemento, sino la combinación e interacción de distintos factores ambientales y genéticos [3]. En la mayoría de los casos el cáncer no se hereda [4].

Los factores causantes del cáncer se pueden clasificar principalmente en tres categorías:

1. Factores no modificables. Son elementos que no se pueden cambiar, como la edad o la herencia genética [5, 6].
2. Factores modificables o prevenibles. Algunos ejemplos son el tabaco, el alcohol, la dieta o la exposición a distintos carcinógenos [7].
3. Otros factores. Algunas circunstancias no se corresponden a ninguna de las categorías anteriores ya que algunos de sus aspectos no se pueden cambiar. Es el caso de factores socioeconómicos (como cobertura sanitaria en el lugar de residencia o privación económica) y factores reproductivos u hormonales (como toma de anticonceptivos, lactancia materna o terapia hormonal sustitutiva en mujeres menopáusicas) [6].

A continuación se introducen dos tipos de cáncer con los que se trabajará más adelante: el cáncer de hígado y el cáncer de colon-recto.

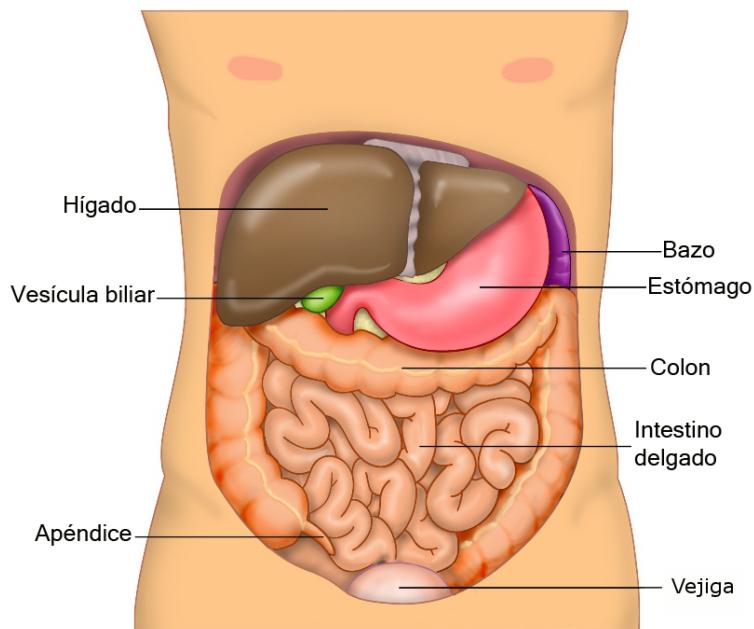
### **1.2.1. Cáncer de hígado**

El cáncer de hígado se corresponde con el código C22 de la Clasificación Internacional de Enfermedades, Décima Revisión, integrando las neoplasias malignas de hígado y vías biliares intrahepáticas [8, 9].

#### **Anatomía y funciones del hígado**

El hígado es el órgano interno más grande y pesado del cuerpo humano, está situado en el cuadrante superior derecho del abdomen, debajo de las costillas, y está compuesto principalmente por dos lóbulos [10].

**Figura 1.** Anatomía del abdomen humano. Ilustración de Ties van Brussel.



Las funciones del hígado son múltiples y diversas. Las principales son procesar, particionar y metabolizar macronutrientes, regular el volumen de sangre, apoyar al sistema inmune, eliminar sustancias químicas como el alcohol y otras drogas y producir bilis para absorber grasas [11]. Es un órgano imprescindible para la vida.

### Factores de riesgo

Uno de los factores de riesgo más comunes del cáncer de hígado es la presencia de cirrosis, o sustitución de células sanas de hígado por tejido cicatrizado. La cirrosis puede producirse por varias causas, siendo las más habituales el consumo excesivo de alcohol y la infección con el virus de la hepatitis B o C [12]. Otros factores de riesgo son el tabaco, la obesidad, padecer diabetes tipo II y consumir esteroides anabólicos [12, 13].

La prevención del cáncer de hígado se basa en reducir la exposición a factores de riesgo como el tabaco y el alcohol, y en vacunarse contra la hepatitis B [12].

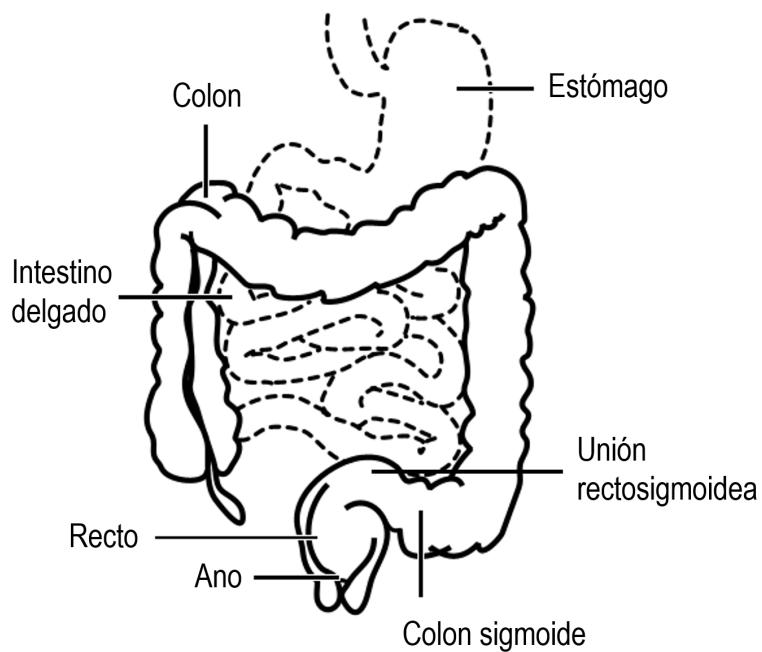
### 1.2.2. Cáncer de colon-recto

Las neoplasias malignas de colon, recto, unión rectosigmoidea, ano y canal anal (códigos C18-C21 según la Clasificación Internacional de Enfermedades, Décima Revisión [8, 9]) a menudo se estudian agrupadas por tener características muy similares.

#### Anatomía y funciones del colon-recto

El colon tiene 3 funciones principales: absorción de agua y electrolitos, producción y absorción de vitaminas y movimiento de heces hacia el recto para su eliminación por el ano [14].

**Figura 2.** Anatomía del intestino humano. Ilustración de Ties van Brussel.



#### Factores de riesgo

Los factores de riesgo del cáncer de colon-recto se pueden distinguir en factores modificables y no modificables.

Entre los factores de riesgo que son modificables destacan el sobrepeso, la inactividad física, las dietas con alto consumo de carnes rojas o procesadas y el consumo

de tabaco y alcohol [15].

Algunos factores de riesgo no modificables son una edad superior a 50 años, padecer diabetes tipo 2 y tener antecedentes personales o familiares de cáncer de colon-recto, pólipos o enfermedad intestinal inflamatoria, como colitis ulcerosa y enfermedad de Crohn [15]. También existen algunos síndromes hereditarios como el síndrome de Lynch que aumentan las posibilidades de padecer cáncer de colon-recto [16].

Para intentar prevenir el cáncer de colon-recto se deben cambiar aquellos factores que son modificables: realizar ejercicio, mantener una dieta saludable y evitar el consumo de tabaco y alcohol. Además, en los últimos años se están implementando programas de cribado de cáncer de colon-recto para detectar pólipos o diagnosticar el cáncer en etapas iniciales mediante análisis como pruebas de sangre oculta en heces o colonoscopias en personas en grupos de riesgo (por ejemplo, mayores de 50 años) [17].

### 1.3. Ómicas

Se presenta a continuación una corta introducción a las ómicas con el objetivo de comprender los conceptos que se utilizarán más adelante.

#### 1.3.1. Introducción a las ómicas

Los seres vivos están hechos de células. En el núcleo de cada célula se encuentran los cromosomas, estructuras que almacenan los genes del individuo. Las células humanas tienen 46 cromosomas: 23 heredados de la madre y 23 heredados del padre.

La información genética se transporta mediante los ácidos nucleicos: ácido desoxirribonucleico (DNA, por sus siglas en inglés) y ácido ribonucleico (RNA, por sus siglas en inglés). Los ácidos nucleicos son polímeros formados por nucleótidos, que están formados a su vez por un azúcar, un fosfato y una base nitrogenada. En los ácidos nucleicos hay 4 bases nitrogenadas: A, C, G y T para DNA y A, C, G y U para RNA. La información genética se transmite del DNA al RNA, donde se traduce en la secuencia de aminoácidos de una proteína [4].

Existen muchas ómicas pero las más relevantes para este trabajo son la genómica y la transcriptómica.

### 1.3.2. Genómica

La genómica es la ciencia que estudia la composición, estructura y función de los genomas. Se dedica por tanto a estudiar cromosomas, mutaciones y variaciones tanto de nucleótidos concretos como de regiones del genoma. No debe confundirse con la genética, ciencia que estudia los genes de manera individual [4].

El análisis GWAS (Genome-wide association study) es un ejemplo de análisis genómico.

### 1.3.3. Transcriptómica

La transcriptómica estudia el transcriptoma, esto es, el conjunto de RNA presente en una célula [18]. El transcriptoma indica el nivel de expresión de genes en un determinado momento.

Los análisis de RNA-Seq y microRNA son ejemplos de análisis de transcriptómica.

Este trabajo se enmarca dentro de la transcriptómica y está basado en datos obtenidos mediante RNA-Seq, técnica en la que se miden distintas lecturas de cada gen para conocer su nivel de expresión. Por ejemplo, si una muestra tumoral tiene más expresión de un gen que la de una muestra sana se dirá que ese gen está sobreexpresado. En caso contrario se habla de un gen inhibido. La sobreexpresión o inhibición de genes puede causar desórdenes biológicos o codificaciones erróneas de proteínas que podrían conllevar el desarrollo de un cáncer.

La detección de genes como biomarcadores se ha utilizado ampliamente para intentar predecir el diagnóstico del cáncer, basándose en microarrays [19, 20], aunque el uso de microarrays está siendo reemplazado por el uso de RNA-Seq [21, 22].

## 2. Epidemiología del cáncer

---

La epidemiología se ha definido tradicionalmente como la ciencia que estudia la distribución y los determinantes de la enfermedad en los seres humanos [23]. En una definición más moderna, no limitada exclusivamente a la enfermedad, la epidemiología se define como el estudio de la aparición y distribución de los estados o acontecimientos relacionados con la salud en poblaciones específicas, incluyendo el estudio de los determinantes de estos estados y la aplicación del conocimiento al control de los problemas de la salud [24].

### 2.1. Indicadores epidemiológicos

Para medir en la población el impacto del cáncer se utilizan principalmente cuatro indicadores:

- **Incidencia** (casos nuevos). Mide el riesgo de presentar cáncer.
- **Mortalidad** (defunciones). Mide el riesgo de morir por cáncer.
- **Supervivencia** (porcentaje de casos vivos). Mide la historia natural del cáncer y efectividad del tratamiento.
- **Prevalencia** (casos nuevos y antiguos, vivos). Mide la carga asistencial de la enfermedad.

Además, se puede examinar la evolución de cada indicador a lo largo del tiempo, hablando así de tendencias de la incidencia, de la mortalidad, de la supervivencia o de la prevalencia.

### 2.2. Fuentes de información

A nivel mundial, las estadísticas de incidencia, mortalidad y prevalencia de cáncer las proporciona el *Global Cancer Observatory* (GCO), una plataforma web de la *International Agency for Research on Cancer*, de la Organización Mundial de la

Salud [25, 26]. El organismo equivalente al GCO a nivel europeo es el *European Cancer Information System* (ECIS), de reciente creación y apoyado por la Comisión Europea [27, 28]. Para conocer la supervivencia, el programa CONCORD [29] publica datos a nivel mundial y EUROCARE [30] a nivel europeo.

Aunque estos organismos proporcionan estadísticas sobre cáncer en España, también existen fuentes a nivel nacional que cuentan con datos más actualizados y con distinta metodología. La Red Española de Registros de Cáncer (REDECAN) publica periódicamente datos sobre incidencia y supervivencia de cáncer en España [31, 32], mientras que las estadísticas de mortalidad por cáncer se pueden calcular a partir de las defunciones que publica el Ministerio de Sanidad, Consumo y Bienestar Social (MSCBS) del Gobierno de España [33] y la población que proporciona el Instituto Nacional de Estadística [34].

## 2.3. Incidencia de cáncer

### 2.3.1. Metodología

Para medir de manera precisa la incidencia de cáncer en una población es necesaria la existencia de un Registro de Cáncer Poblacional. Estas entidades se dedican a registrar exhaustivamente todos los casos de cáncer diagnosticados en un área geográfica y sus datos son muy útiles para todo tipo de estudios epidemiológicos. Algunos de estos Registros cubren la población de todo un país (por ejemplo, Canadá) mientras que otros cubren regiones concretas (por ejemplo, la provincia de Granada). Desgraciadamente, muchas áreas geográficas no están cubiertas por un Registro de Cáncer Poblacional. Es el caso de España, en el que sólo el 27% de la población está cubierta por un Registro de Cáncer Poblacional [35]. Para conocer de manera estimada la incidencia de cáncer en territorios sin Registro de Cáncer Poblacional o proyectar la incidencia a años posteriores se utilizan diversos métodos matemáticos y estadísticos [25–28, 31, 35].

Con respecto a las medidas usadas para reportar la incidencia, la más sencilla y fácil de interpretar es el número nuevo de casos de cáncer, enmarcado siempre en un periodo concreto de tiempo y un área geográfica. A partir del número de casos se puede calcular la tasa bruta (TB), un indicador que tiene en cuenta el tamaño de la población y que se suele calcular por 100.000 habitantes [36].

$$TB = 100.000 \cdot \frac{\text{Número de casos nuevos}}{\text{Personas en riesgo}}$$

Para permitir comparaciones entre distintas poblaciones, o la misma población en momentos distintos, es necesario tener en cuenta la estructura de edad de la población. Para responder a esta motivación se define la tasa estandarizada por edad (TE) como aquella tasa que habría en la población de estudio si tuviese exactamente la misma estructura de edad que una población estándar predefinida [36]. La definición de la tasa estandarizada por edad para 18 grupos de edad quinquenales (0-4 años, 5-9 años, ..., 80-84 años, 85 años y más) es la siguiente:

$$TE = \sum_{i=1}^{18} \omega_i \frac{N_i}{P_i}$$

donde  $N_i$  y  $P_i$  son respectivamente el número de casos incidentes y la población en el  $i$ -ésimo grupo de edad, y  $\omega_i$  es el peso que toma la población de referencia en el grupo  $i$ -ésimo, con  $\sum_{i=1}^{18} \omega_i = 100.000$ . Los valores de  $\omega_i$  están predefinidos en base a poblaciones estándar, siendo las más utilizadas en nuestro contexto las siguientes:

- Población mundial. Propuesta por primera vez en 1960 [37] y modificada más tarde en 1966 [38], permite realizar comparaciones a nivel mundial.
- Antigua población estándar europea. Propuesta en 1976 [39] basándose en la estructura de edad de varias poblaciones escandinavas, permite comparaciones entre zonas europeas.
- Nueva población estándar europea. En el año 2013, la Oficina Europea de Estadística (EUROSTAT) realiza una revisión de la población estándar europea con el objetivo de que la población refleje fielmente el envejecimiento existente en la población europea [40]. Debido a su novedad, el uso de esta población aún no está ampliamente extendido en los organismos internacionales [28] y en ocasiones se reportan las dos tasas estandarizadas por las poblaciones estándar antigua y nueva [27].

En la Tabla 1 se muestran los pesos para cada una de las poblaciones de referencia mencionadas anteriormente.

**Tabla 1.** Pesos de las poblaciones estándar para el cálculo de tasas estandarizadas por edad.

Grupo de edad	Población estándar mundial	Población estándar europea 1976	Población estándar europea 2013
0-4 años	12.000	8.000	5.000
5-9 años	10.000	7.000	5.500
10-14 años	9.000	7.000	5.500
15-19 años	9.000	7.000	5.500
20-24 años	8.000	7.000	6.000
25-29 años	8.000	7.000	6.000
30-34 años	6.000	7.000	6.500
35-39 años	6.000	7.000	7.000
40-44 años	6.000	7.000	7.000
45-49 años	6.000	7.000	7.000
50-54 años	5.000	7.000	7.000
55-59 años	4.000	6.000	6.500
60-64 años	4.000	5.000	6.000
65-69 años	3.000	4.000	5.500
70-74 años	2.000	3.000	5.000
75-79 años	1.000	2.000	4.000
80-84 años	500	1.000	2.500
≥85 años	500	1.000	2.500

Para utilizar notación internacional, la tasa estandarizada por la población mundial se notará TE-M (población mundial), la tasa estandarizada por la población europea de 1976 se notará TE-aE (antigua población europea) y la de 2013 se notará TE-nE (nueva población europea).

### 2.3.2. Incidencia del total del cáncer excepto piel no melanoma

El cáncer de piel no melanoma se suele excluir al reportar datos de incidencia del total del cáncer debido a que es muy frecuente y cuenta con buen pronóstico, por

lo que no se suele registrar en los Registros de Cáncer Poblacionales [41, 42].

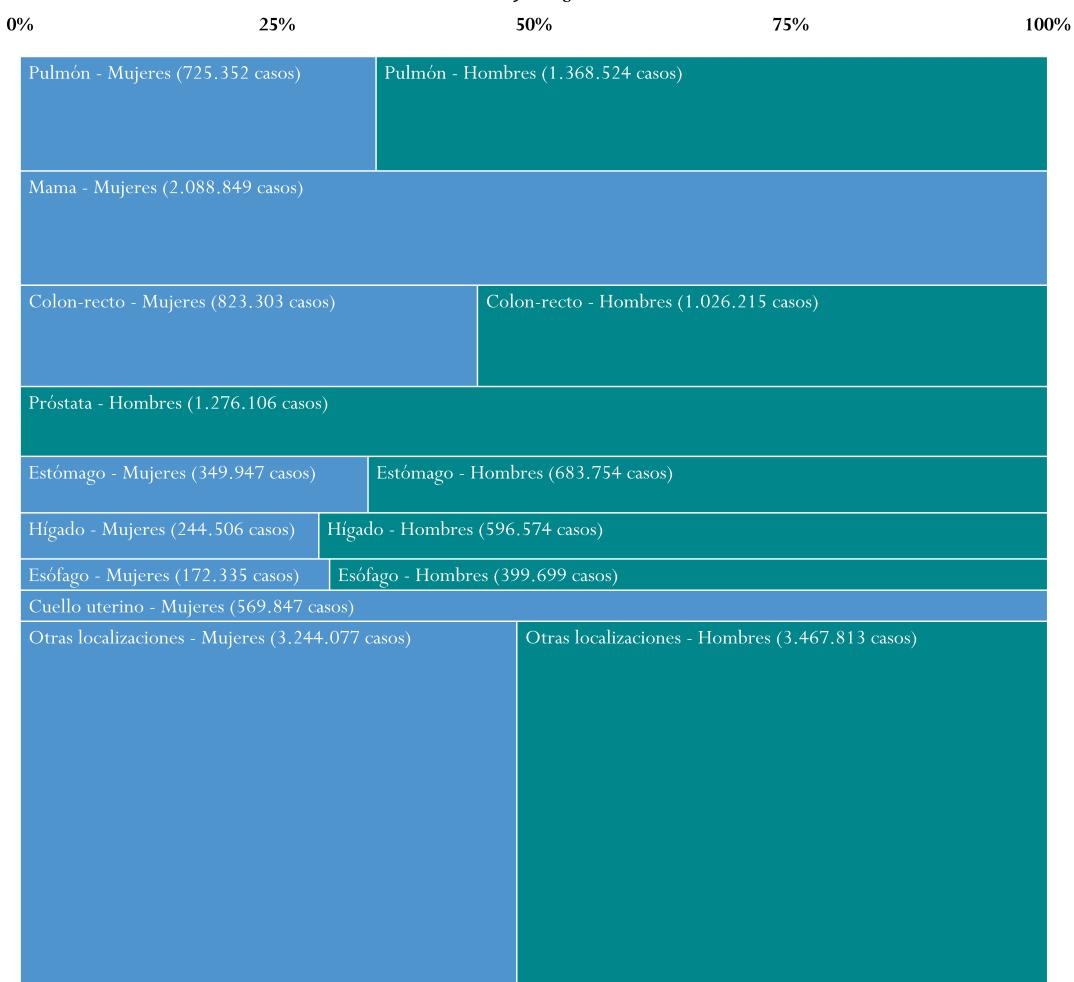
Para dar una perspectiva global del cáncer y sus diferentes tipos, en la Figura 3 se muestran las localizaciones anatómicas más frecuentes de cáncer en el mundo, así como su distribución por sexos.

**Figura 3.** Gráfico de mosaico con la incidencia estimada de cáncer excepto piel no melanoma en el mundo para el año 2018. Ocho localizaciones anatómicas más frecuentes en ambos sexos. Fuente: *Global Cancer Observatory*, Organización Mundial de la Salud [26].

### Incidencia de cáncer en el mundo, 2018

Distribución de casos por sexo y localización anatómica.

Fuente: *Global Cancer Observatory*, Organización Mundial de la Salud.



El cáncer de pulmón es el más frecuente en todo el mundo, seguido por los cánceres de mama, colon-recto, próstata, estómago, hígado, esófago y cuello uterino. En la mayoría de las localizaciones anatómicas, el cáncer es más frecuente en hombres que en mujeres (Figura 3).

**Tabla 2.** Incidencia del total del cáncer excepto piel no melanoma en 2018, por sexo y población. Número de casos nuevos (N), tasa bruta (TB), tasa estandarizada por la población mundial (TE-M), tasa estandarizada por la antigua población europea (TE-aE) y tasa estandarizada por la nueva población europea (TE-nE).

Sexo	Población	Fuente	N	TB	TE-M	TE-aE	TE-nE
Hombres	Mundo	GCO [26]	8.818.685	229,0	204,7		
	Europa	ECIS [27]	2.059.673	572,9	302,7	436,0	651,7
	España	ECIS [27]	142.353	625,6	309,7	444,7	658,6
Mujeres	Mundo	GCO [26]	8.218.216	217,3	175,6		
	Europa	ECIS [27]	1.851.644	481,8	242,7	332,6	451,2
	España	ECIS [27]	106.647	451,1	218,4	298,5	401,7
Ambos sexos	Mundo	GCO [26]	17.036.901	223,2	187,8		
	Europa	ECIS [27]	3.911.317	525,8	266,7	374,3	531,9
	España	ECIS [27]	249.000	536,7	259,4	363,8	515,3

A nivel nacional, REDECAN ha publicado estimaciones de la incidencia en España más recientes a las mostradas en la Tabla 2, correspondientes al año 2020 [31]. En este análisis se estima el número de casos de cáncer excepto piel no melanoma en 277.394 casos (57,8% en hombres), con una tasa bruta de 588,0 por 100.000 habitantes y tasas estandarizadas de 280,3 (TE-M), 399,4 (TE-aE) y 579,8 (TE-nE).

### 2.3.3. Incidencia de cáncer de hígado

El cáncer de hígado es el sexto cáncer más frecuente del mundo (Figura 3), con más de 840.000 casos nuevos anuales en todo el mundo, 82.000 de ellos en Europa y 6.600 en España (Tabla 3). Es un cáncer más frecuente en hombres que en mujeres: por cada caso en mujeres hay 2,4 casos en hombres. En ambos sexos, la TE-M de España (6,5) es mayor que la de Europa (5,1) aunque mucho menor que la del mundo (9,3).

**Tabla 3.** Incidencia de cáncer de hígado en 2018, por sexo y población. Número de casos nuevos (N), tasa bruta (TB), tasa estandarizada por la población mundial (TE-M), tasa estandarizada por la antigua población europea (TE-aE) y tasa estandarizada por la nueva población europea (TE-nE).

Sexo	Población	Fuente	N	TB	TE-M	TE-aE	TE-nE
Hombres	Mundo	GCO [26]	596.574	15,5	13,9		
	Europa	ECIS [27]	55.825	15,5	8,0	11,7	17,7
	España	ECIS [27]	4.976	21,9	10,9	15,7	22,5
Mujeres	Mundo	GCO [26]	244.506	6,5	4,9		
	Europa	ECIS [27]	26.641	6,9	2,7	4,0	6,3
	España	ECIS [27]	1.654	7,0	2,4	3,6	6,0
Ambos sexos	Mundo	GCO [26]	841.080	11,0	9,3		
	Europa	ECIS [27]	82.466	11,1	5,1	7,4	11,3
	España	ECIS [27]	6.630	14,3	6,5	9,3	13,6

En las estimaciones publicadas por REDECAN para 2020 se estiman en España 6.595 casos de cáncer de hígado (75,4 % en hombres), con una tasa bruta de 14,0 y tasas estandarizadas de 6,5 (TE-M), 9,4 (TE-aE) y 13,9 (TE-nE) [31].

#### 2.3.4. Incidencia de cáncer de colon-recto

El cáncer de colon-recto es el tercer cáncer más frecuente del mundo (Figura 3), con más de 1.800.000 casos nuevos anuales en todo el mundo. En Europa y España es el cáncer más frecuente en ambos性es con 510.000 casos anuales en Europa y 37.000 en España (Tabla 4). Es un cáncer ligeramente más frecuente en hombres que en mujeres: por cada caso en mujeres hay 1,2 casos en hombres. En ambos性es, la TE-M de España (81,1) es mayor que la de Europa (68,8) y la del mundo (24,2), lo que puede deberse a una mayor exposición a factores de riesgo como el tipo de dieta o la ausencia de un programa de cribado a nivel nacional [43].

**Tabla 4.** Incidencia de cáncer de colon-recto en 2018, por sexo y población. Número de casos nuevos (N), tasa bruta (TB), tasa estandarizada por la población mundial (TE-M), tasa estandarizada por la antigua población europea (TE-aE) y tasa estandarizada por la nueva población europea (TE-nE).

Sexo	Población	Fuente	N	TB	TE-M	TE-aE	TE-nE
Hombres	Mundo	GCO [26]	1.026.215	26,6	23,6		
	Europa	ECIS [27]	275.519	76,6	38,1	56,8	88,9
	España	ECIS [27]	23.013	101,1	45,8	68,5	107,2
Mujeres	Mundo	GCO [26]	823.303	21,8	16,3		
	Europa	ECIS [27]	236.101	61,4	25,2	37,0	56,3
	España	ECIS [27]	14.642	61,9	23,6	34,9	53,5
Ambos sexos	Mundo	GCO [26]	1.849.518	24,2	19,7		
	Europa	ECIS [27]	511.620	68,8	30,8	45,6	70,0
	España	ECIS [27]	37.655	81,1	33,9	50,4	77,5

En las estimaciones publicadas por REDECAN para 2020 se estiman en España 44.231 casos de cáncer de colon-recto (58,9 % en hombres), con una tasa bruta de 93,8 y tasas estandarizadas de 40,0 (TE-M), 59,5 (TE-aE) y 91,9 (TE-nE) [31].

## 2.4. Mortalidad por cáncer

### 2.4.1. Metodología

Los indicadores para medir la mortalidad por cáncer son los mismos que para la incidencia, cambiando número de casos por defunciones por cáncer. Es importante destacar que la mortalidad por cáncer es por definición aquella mortalidad que es causada directamente por el cáncer. En este sentido, una persona diagnosticada de cáncer que falleciese por otras causas no puede ser considerada como fallecida por cáncer, sino fallecida con cáncer.

Aunque ECIS [27] reporta mortalidad por cáncer en España para el año 2018, la mortalidad que se presenta a continuación a nivel nacional es la que proporciona el MSCBS del Gobierno de España [33], ya que se consideran datos más fiables al tratarse de datos observados basados en certificados médicos de defunción y no ser estimaciones.

### 2.4.2. Mortalidad del total del cáncer excepto piel no melanoma

En el mundo se producen más de 9 millones de defunciones por cáncer anualmente, siendo esta enfermedad la segunda causa de muerte a nivel global, por detrás

de las enfermedades cardiovasculares. Una de cada 6 muertes es causa directa del cáncer [44].

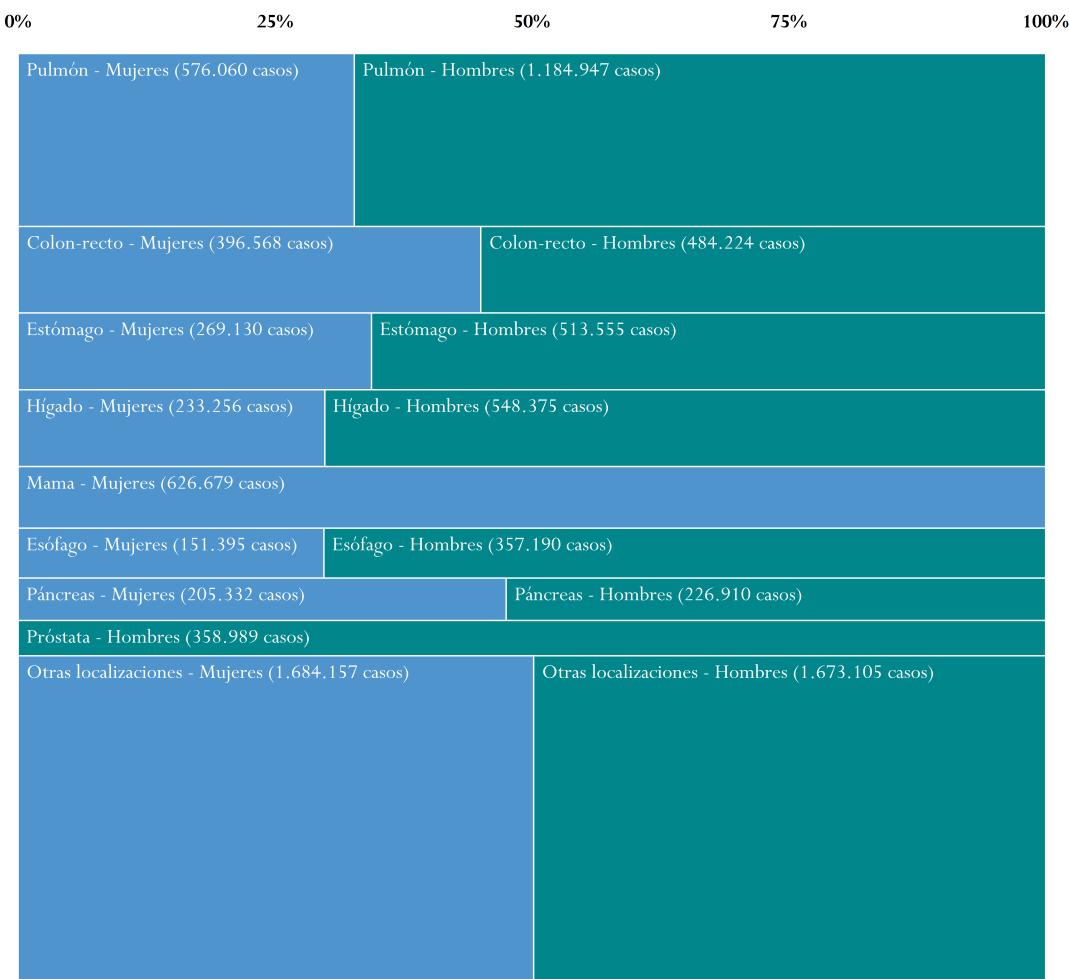
En ambos sexos, los cánceres que provocan más defunciones son los de pulmón, colon-recto y estómago, mientras que en mujeres el cáncer con más defunciones es el cáncer de mama y en hombres el de pulmón (Figura 4).

**Figura 4.** Gráfico de mosaico con la mortalidad estimada por cáncer excepto piel no melanoma en el mundo para el año 2018. Ocho localizaciones anatómicas con más defunciones en ambos sexos. Fuente: *Global Cancer Observatory*, Organización Mundial de la Salud [26].

### Mortalidad por cáncer en el mundo, 2018

Distribución de defunciones por sexo y localización anatómica.

Fuente: *Global Cancer Observatory*, Organización Mundial de la Salud.



En España se producen más de 100.000 muertes anuales por cáncer, siendo la tasa de mortalidad inferior a la europea y a la mundial tanto en ambos sexos como en hombres y mujeres (Tabla 5).

**Tabla 5.** Mortalidad por total del cáncer excepto piel no melanoma en 2018, por sexo y población. Número de defunciones (N), tasa bruta (TB), tasa estandarizada por la población mundial (TE-M), tasa estandarizada por la antigua población europea (TE-aE) y tasa estandarizada por la nueva población europea (TE-nE).

Sexo	Población	Fuente	N	TB	TE-M	TE-aE	TE-nE
Hombres	Mundo	GCO [26]	5.347.295	138,9	121,9		
	Europa	ECIS [27]	1.077.986	299,8	143,2	217,4	355,4
	España	MSCBS [33]	65.610	286,4	121,3	186,8	314,1
Mujeres	Mundo	GCO [26]	4.142.577	109,5	82,7		
	Europa	ECIS [27]	851.723	221,6	86,4	128,1	201,0
	España	MSCBS [33]	42.248	177,4	63,2	94,6	151,1
Ambos sexos	Mundo	GCO [26]	9.489.872	124,3	100,5		
	Europa	ECIS [27]	1.929.709	259,4	110,8	165,8	263,9
	España	MSCBS [33]	107.858	230,8	89,4	135,4	221,2

#### 2.4.3. Mortalidad de cáncer de hígado

Si bien el cáncer de hígado es el sexto cáncer más incidente del mundo, en mortalidad ocupa la cuarta posición, siendo la causa de 782.000 defunciones anuales (Figura 4). La muerte por cáncer de hígado es mucho más frecuente en hombres que en mujeres. En Europa el cáncer de hígado causa cerca de 80.000 muertes y en España unas 5.100, con unas tasas de mortalidad muy similares y por debajo de la tasa mundial (Tabla 6).

**Tabla 6.** Mortalidad por cáncer de hígado en 2018, por sexo y población. Número de defunciones (N), tasa bruta (TB), tasa estandarizada por la población mundial (TE-M), tasa estandarizada por la antigua población europea (TE-aE) y tasa estandarizada por la nueva población europea (TE-nE).

Sexo	Población	Fuente	N	TB	TE-M	TE-aE	TE-nE
Hombres	Mundo	GCO [26]	548.375	14,2	12,7		
	Europa	ECIS [27]	50.365	14,0	6,8	10,3	16,4
	España	MSCBS [33]	3.577	15,6	7,0	10,7	17,0
Mujeres	Mundo	GCO [26]	233.256	6,2	4,6		
	Europa	ECIS [27]	27.010	7,0	2,4	3,8	6,3
	España	MSCBS [33]	1.564	6,6	2,0	3,2	5,6
Ambos sexos	Mundo	GCO [26]	781.631	10,2	8,5		
	Europa	ECIS [27]	77.375	10,4	4,4	6,6	10,6
	España	MSCBS [33]	5.141	11,0	4,4	6,7	10,7

#### 2.4.4. Mortalidad de cáncer de colon-recto

El cáncer de colon-recto es el segundo cáncer que provoca más defunciones, con más de 880.000 defunciones anuales en todo el mundo (Figura 4). La defunción por cáncer de colon-recto es ligeramente más frecuente en hombres que en mujeres. Las tasas de mortalidad en España y Europa son muy similares, por encima en ambos casos de la tasa mundial (Tabla 7).

**Tabla 7.** Mortalidad por cáncer de colon-recto en 2018, por sexo y población. Número de defunciones (N), tasa bruta (TB), tasa estandarizada por la población mundial (TE-M), tasa estandarizada por la antigua población europea (TE-aE) y tasa estandarizada por la nueva población europea (TE-nE).

Sexo	Población	Fuente	N	TB	TE-M	TE-aE	TE-nE
Hombres	Mundo	GCO [26]	484.224	12,6	10,8		
	Europa	ECIS [27]	131.155	36,5	16,4	25,7	44,3
	España	MSCBS [33]	9.222	40,3	15,8	25,1	44,4
Mujeres	Mundo	GCO [26]	396.568	10,5	7,2		
	Europa	ECIS [27]	115.059	29,9	10,0	15,6	26,6
	España	MSCBS [33]	6.066	25,5	7,5	11,9	20,7
Ambos sexos	Mundo	GCO [26]	880.792	11,5	8,9		
	Europa	ECIS [27]	246.214	33,1	12,8	19,9	33,8
	España	MSCBS [33]	15.288	32,7	11,2	17,7	30,9

## 2.5. Supervivencia de cáncer

El proyecto CONCORD (*Global surveillance of cancer survival*), coordinado por la *London School of Hygiene & Tropical Medicine*, es el mayor proyecto de investigación sobre supervivencia a nivel mundial. En su tercera y última publicación, se analizaron datos de más de 37 millones de pacientes procedentes de 322 Registros de Cáncer Poblacionales de 71 países [29]. Las tendencias de la supervivencia están aumentando con el tiempo, aunque se aprecian importantes diferencias entre territorios. Para casos de España diagnosticados durante el periodo 2010-2014, la supervivencia relativa estandarizada por edad a 5 años del diagnóstico es del 63,2% para cáncer de colon, 59,5% para cáncer de recto y 17,3% para cáncer de hígado [29].

En el contexto europeo, EUROCARE (*European Cancer Registry based study on survival and care of cancer patients*) proporciona datos para el periodo 2000-2007, estimando la supervivencia relativa estandarizada por edad a 5 años del total del cáncer en un 50,3% para hombres y 58,0% para mujeres [27, 30]. Para cáncer de colon-recto la supervivencia es similar a la media global (54,7% en hombres, 56,7% en mujeres), y para cáncer de hígado la supervivencia es muy baja (11,5% tanto para hombres como para mujeres) [27, 30].

Los datos más recientes de supervivencia para España corresponden al periodo 2008-2013 y están publicados por REDECAN [32]. Para el total del cáncer excepto piel no melanoma, la supervivencia relativa estandarizada por edad a 5 años es de 55,3% en hombres y 61,7% en mujeres. El cáncer de hígado tiene una de las supervivencias más bajas, tanto en hombres (17,9%) como en mujeres (16,2%). La supervivencia del cáncer de colon es de 63,1% en hombres y 63,9% en mujeres, ligeramente superior que la supervivencia del cáncer de recto (60,4% y 62,7% para hombres y mujeres respectivamente).

## 2.6. Prevalencia de cáncer

En el mundo hay más de 11 millones de casos prevalentes de cáncer a 1 año, esto es, casos de cáncer en pacientes vivos que fueron diagnosticados en el último año [26]. A 5 años el número se eleva hasta casi 39 millones de casos [26]. En la Tabla 8 se muestra la prevalencia a 1 y 5 años por sexos y población para los cánceres de hígado y colon-recto, así como para el total del cáncer excepto piel

no melanoma.

**Tabla 8.** Prevalencia del total del cáncer excepto piel no melanoma, cáncer de hígado y cáncer de colon-recto en 2018, por sexo y población. Número de casos prevalentes y tasas por 100.000 habitantes a 1 y 5 años.

			1 año		5 años	
			N	Tasa	N	Tasa
Total del cáncer excepto piel no melanoma	Hombres	Mundo	5.607.801	145,6	17.895.356	464,7
		Europa	1.504.232	418,4	5.086.515	1414,7
		España	105.599	464,0	356.427	1566,3
	Mujeres	Mundo	5.688.175	150,4	20.738.064	548,3
		Europa	1.434.849	373,4	5.417.680	1409,8
		España	84.409	357,0	322.341	1363,5
	Ambos sexos	Mundo	11.295.976	148,0	38.633.420	506,1
		Europa	2.939.081	395,1	10.504.195	1412,2
		España	190.008	409,5	678.768	1462,9
Hígado	Hombres	Mundo	236.669	6,1	471.525	12,2
		Europa	21.240	5,9	39.867	11,1
		España	1.924	8,5	3.618	15,9
	Mujeres	Mundo	97.621	2,6	203.685	5,4
		Europa	9.719	2,5	18.610	4,8
		España	580	2,5	1.102	4,7
	Ambos sexos	Mundo	334.290	4,4	675.210	8,8
		Europa	30.959	4,2	58.477	7,9
		España	2.504	5,4	4.720	10,2
Colon-recto	Hombres	Mundo	749.774	19,5	2.595.326	67,4
		Europa	213.233	59,3	748.455	208,2
		España	18.059	79,4	63.593	279,5
	Mujeres	Mundo	606.377	16,0	2.194.309	58,0
		Europa	178.969	46,6	655.422	170,6
		España	11.463	48,5	42.121	178,2
	Ambos sexos	Mundo	1.356.151	17,8	4.789.635	62,8
		Europa	392.202	52,7	1.403.877	188,7
		España	29.522	63,6	105.714	227,8



### 3. *Machine learning* aplicado a transcriptómica

---

#### 3.1. Algoritmos de selección de características

Los algoritmos de selección de características, o variables, consisten en la elección de un subconjunto de variables relevantes que permitan:

- Obtener predicciones óptimas para un número bajo de genes.
- Proporcionar predictores menos costosos computacionalmente.
- Mejorar la interpretabilidad de los modelos resultantes, y facilitar la visualización de datos.

La selección de características cuenta con interesantes aplicaciones en la genómica ya que permite encontrar conjuntos pequeños de biomarcadores que permiten diferenciar con gran precisión entre distintos estados o patologías [45, 46]. Si se considera cada gen como una variable, la selección de características consigue reducir los problemas asociados a la maldición de la dimensionalidad [47, 48].

Se distinguen principalmente 3 tipos de algoritmos de selección de características, descritos en varias referencias [46, 49]:

- Algoritmos de selección por filtrado. Utilizan técnicas estadísticas para identificar las variables más relevantes antes de diseñar el modelo predictivo. Suelen estar basados en medidas de correlación entre variables, como la información mutua, y pueden devolver un ranking de relevancia de las variables, o un subconjunto óptimo de variables. Entre sus ventajas destacan un bajo costo computacional en el entrenamiento del modelo, gran interpretabilidad y facilidad de implementación. Un ejemplo de algoritmo de selección por filtrado es mRMR (mínima redundancia, máxima relevancia).
- Algoritmos de selección embebidos. Utilizan el método de entrenamiento del modelo para seleccionar simultáneamente las características más relevantes. Ejemplos de algoritmos de selección embebido son el uso de *random forest* o máquinas de soporte vectorial.

- Algoritmos de selección por envoltura. En estos métodos, el algoritmo de selección de variables está incluido en el propio modelo predictivo y es retroalimentado por él, seleccionando aquel modelo que proporciona mejor efectividad. El principal inconveniente de estos métodos es el elevado coste computacional, aunque como ventaja asegura el mejor rendimiento de entre todas las opciones que se han evaluado. Un ejemplo es MINT, una mejora de mRMR [50].

Se presentan a continuación los algoritmos de selección de variables que se utilizarán en el capítulo 4.

### 3.1.1. Mínima redundancia máxima relevancia (mRMR)

El método de mínima redundancia máxima relevancia (mRMR) está basado en el concepto de “información mutua” [51]. La información mutua de dos variables se cuantifica como la reducción de incertidumbre sobre una de las variables conocida la otra.

El algoritmo mRMR funciona hacia delante: partiendo del conjunto vacío de características, selecciona aquella variable que tenga alta relevancia (su información mutua con la variable resultado sea mayor) pero a su vez tenga baja redundancia (información mutua) con el resto de variables ya seleccionadas [52]. Matemáticamente, en cada paso se selecciona la variable  $X$  que maximiza la siguiente función:

$$I(X, Y) - \frac{1}{|S|} \sum_{W \in S} I(X, W)$$

siendo  $I$  la función que mide la información mutua entre dos variables,  $Y$  la variable resultado y  $S$  el conjunto de variables ya seleccionadas. El proceso se repite hasta alcanzar un cierto número prefijado de variables seleccionadas. El resultado final es un ranking de variables ordenadas en base a su importancia respecto al criterio mRMR.

Es un método muy conocido que ha sido utilizado ampliamente en ciencias -ómicas [53–57]. En R está implementado mediante la función `KnowSeq::featureSelection(mode = 'mrmr')` [58], que a su vez utiliza `praznik::MRMR` [59].

### 3.1.2. *Random forest* (RF)

Uno de los resultados del modelo de clasificación *random forest*, detallado en la sección 3.2.2. es un ranking de variables según su importancia. Este método de selección de variables se trata por tanto de un método embebido.

La importancia de una variable en el modelo se puede cuantificar usando la reducción media en precisión del modelo al aleatorizar los valores de la variable manteniendo su distribución [60, 61]. También se puede usar la reducción media de otras medidas de entropía como el índice de Gini [62].

Este algoritmo en R está implementado en `KnowSeq::featureSelection(mode = 'rf')` [58] que a su vez utiliza `randomForest::randomForest` [63].

### 3.1.3. Asociación de enfermedades (DA)

El método de selección de características mediante asociación de enfermedades (DA, por sus siglas en inglés: *Disease Association*) permite encontrar aquellos genes que están asociados en la literatura científica con una determinada enfermedad, en base a evidencias tales como rutas metabólicas afectadas, expresión de RNA o fármacos. Utiliza para ello la plataforma *targetValidation* de *Open Targets* [64], que contiene para cada gen una puntuación midiendo la asociación gen-enfermedad en el rango de 0 (no hay asociación) a 1 (la asociación es total). El método DA obtiene esas puntuaciones y las ordena, obteniendo un ranking de genes en base a su asociación con la enfermedad.

El método DA está implementado en R en `KnowSeq::featureSelection(mode = 'da')` [58], que utiliza a su vez la REST API de *targetValidation* [64].

## 3.2. Algoritmos de clasificación

Dado un conjunto de datos con varias variables, siendo una de ellas la clase, el problema de clasificación consiste en encontrar un modelo que prediga la clase basándose en el resto de variables. Se presentan a continuación los algoritmos de clasificación que se utilizarán en el capítulo 4.

### 3.2.1. Máquinas de soporte vectorial (SVM)

Las máquinas de soporte vectorial (SVM) son uno de los algoritmos más populares de la última década debido a su alta eficacia en problemas con grandes cantidades de datos. Consiste en un caso particular de (*kernel machines*), una familia de métodos en el que el espacio de características se transforma para ser representados en un espacio más complejo, de alta dimensión o incluso infinita. Para ello, utilizan *kernels*: funciones que devuelven el producto escalar entre las transformaciones de dos argumentos, sin tener que especificar de forma explícita la transformación realizada. Resumidamente, en los algoritmos SVM la transformación de los datos en el nuevo espacio permite que las clases sean linealmente separables mediante un hiperplano que separa las clases dejando el máximo margen posible entre ellas [65]. Aquellas instancias que limitan el margen de ese hiperplano son llamados vectores soporte. Aunque en un principio el algoritmo SVM fue ideado para problemas binarios [65], se ha generalizado para problemas multi-clase [66].

Uno de los *kernel* más comunes para SVM es el de base radial, que viene determinado por dos parámetros: coste ( $c$ ) y gamma ( $\gamma$ ). El coste  $c$  mide la permisividad que se permite a la existencia de clases mal clasificadas por el modelo, que podrían ser ejemplos extraños (*outliers*). Un coste alto puede sobreajustar el modelo (*overfitting*), mientras que un coste bajo puede reducir la precisión del modelo en el conjunto de entrenamiento. El parámetro  $\gamma$  mide el nivel de influencia de cada vector soporte para la construcción del hiperplano. Para cada problema se pueden encontrar valores de coste y gamma que optimizan los resultados del algoritmo SVM con base radial, aunque debido a que la búsqueda exhaustiva suele ser costosa computacionalmente se suele realizar una búsqueda de los mejores parámetros dentro de unos posibles valores de  $c$  y  $\gamma$ .

Los algoritmos SVM están implementados en varios paquetes de R, siendo el más común `{e1071}` [67].

### 3.2.2. *Random Forest* (RF)

*Random forest* (RF) es uno de los algoritmos de machine learning más usados en la actualidad, y se puede aplicar a tareas de clasificación y regresión. Para clasificación es un método en el que se crean varios árboles de decisión decorrelados

entre sí para elegir la clase más votada por los árboles como la clase predicha. Para conseguir esta ausencia de correlación, cada vez que se considera una división en cada árbol se obliga a que la variable que dividirá las instancias tenga que pertenecer a un subconjunto de las variables seleccionado aleatoriamente [60, 61]. Debido a este método de construcción de árboles, es un algoritmo cuya principal desventaja es la ausencia de interpretabilidad.

El algoritmo de RF es una mejora del método de *bagging* en árboles de decisión, que consiste en crear árboles basados en una selección aleatoria sin reemplazamiento de las instancias del conjunto de entrenamiento, reduciendo así la varianza de las predicciones [68].

El paquete de R `{randomForest}` implementa el algoritmo RF [63].

### 3.2.3. k-vecinos más cercanos (kNN)

El algoritmo de los k-vecinos consiste en asignar a cada dato sin clasificar la clase más común entre sus k-vecinos más cercanos [69]. Aunque la distancia euclídea es la más usual, se pueden utilizar otras distancias para el cálculo de los k-vecinos más cercanos [70], y es recomendable normalizar los atributos para que todos tengan el mismo peso. Además, contando con un conjunto de entrenamiento se puede hallar el parámetro  $k$  óptimo para el problema.

En este trabajo se utilizará la implementación de kNN realizada en `{caret}` [71].

### 3.2.4. Medidas de evaluación de algoritmos de clasificación

Tras realizar las predicciones con el algoritmo, sus resultados se suelen presentar en una matriz de confusión del siguiente modo:

		Predicción	
		Positivo	Negativo
Clase real	Positivo	Verdaderos positivos (TP)	Falsos negativos (FN)
	Negativo	Falsos positivos (FP)	Verdaderos negativos (TN)

**CAPÍTULO 3. MACHINE LEARNING APLICADO A  
TRANSCRIPTÓMICA**

---

Partiendo de la matriz de confusión, para evaluar la efectividad de un algoritmo de clasificación se pueden utilizar varios indicadores que miden diferentes aspectos.

- La precisión (*accuracy* en inglés, no confundir con el término *precision* que indica el valor predictivo positivo:  $TP/(TP + FP)$ ) mide la proporción de predicciones correctas entre el número total de predicciones:

$$\text{Precisión} = \frac{TP + TN}{TP + FP + TN + FN}$$

- La sensibilidad mide la proporción de positivos reales que han sido correctamente identificados como positivos.

$$\text{Sensibilidad} = \frac{TP}{TP + FN}$$

- La especificidad mide la proporción de negativos reales que han sido correctamente identificados como negativos.

$$\text{Especificidad} = \frac{TN}{TN + FP}$$

- El F1-Score es la medida de evaluación más adecuada para problemas no balanceados. Ante este tipo de problemas, muchos clasificadores suelen estar sesgados hacia la clase mayoritaria. F1-Score busca un equilibrio entre valor predictivo positivo ( $TP/(TP + FP)$ ) y sensibilidad ( $TP/(TP + FN)$ ).

$$\text{F1-score} = \frac{2 * TP}{2 * TP + FP + FN}$$

Estas medidas inicialmente definidas para problemas biclase se pueden extender con facilidad a problemas multiclas [72].

## **4. Detección de biomarcadores en cáncer de hígado y colon-recto**

---

### **4.1. Objetivos**

El objetivo general consiste en intentar predecir en base a pocos genes si una enfermedad padece o no cáncer de hígado, o cáncer de colon-recto. Para ello se usarán distintas técnicas de selección de características: mRMR, RF y DA, así como varios algoritmos de clasificación: SVM, RF y kNN.

### **4.2. Metodología**

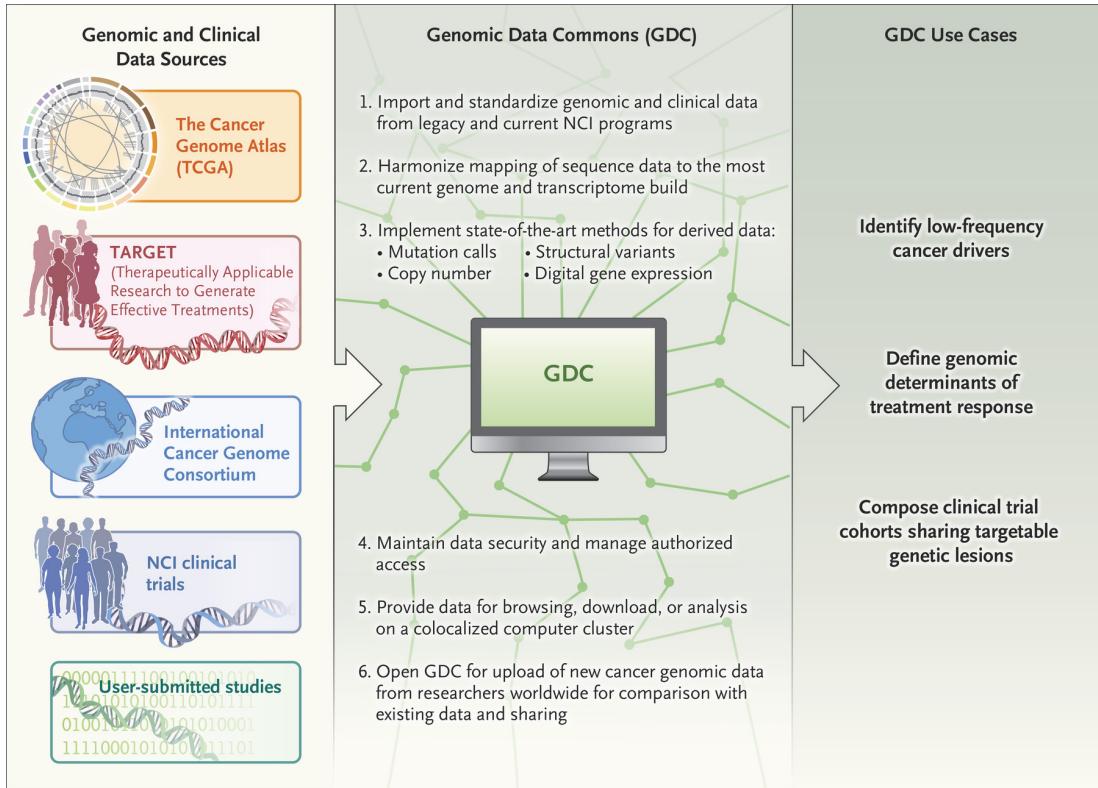
#### **4.2.1. Fuente de datos**

La fuente de los datos es GDC (Genomic Data Commons) Portal, una plataforma web sobre cáncer del Instituto Nacional del Cáncer de Estados Unidos (*National Cancer Institute*) [73, 74]. GDC Portal fue desarrollado por el Instituto Nacional del Cáncer de Estados Unidos, la Universidad de Chicago, el Instituto de Ontario para la Investigación del Cáncer y la empresa *Leidos Biomedical Research*, y su principal fortaleza reside en la integración y armonización de diversas fuentes heterogéneas, creando así un sistema de información amplio y robusto [75].

## CAPÍTULO 4. DETECCIÓN DE BIOMARCADORES EN CÁNCER DE HÍGADO Y COLON-RECTO

### 34

**Figura 5.** Diagrama de funcionalidad y utilidad de GDC. Extraído de Grossman et al. [75].



A día 22 de Junio, GDC Portal contenía información sobre unos 84.000 casos, 23.000 genes y más de 3 millones de mutaciones de genes [73]. Algunos de estos datos son abiertos, mientras que para otros es necesario solicitar acceso. La información de la que dispone es muy variada, y se puede distinguir en tres grandes categorías:

- Información clínica, como la edad del sujeto, su sexo o el estadio del cáncer del que ha sido diagnosticado.
- Información genética y transcriptómica proveniente de diversos proyectos de investigación.
- Imágenes de tejidos tumorales y sanos.

Para el presente trabajo se han descargado de GDC Portal todos los datos que cumplen las siguientes condiciones:

- Son datos transcriptómicos del programa Cancer Genoma Atlas (TCGA), dirigido por dos organismos estadounidenses: el Instituto Nacional del Cáncer (NCI) y el Instituto Nacional para la Investigación del Genoma Humano (NHGRI) [76].
- Contienen información sobre tumores o tejidos sanos de cáncer de hígado, o colon-recto. Se han excluido metástasis y tumores recurrentes.
- El tipo de estrategia experimental es RNA-Seq, y el tipo de flujo de trabajo es HTSeq - Counts. Esta información es de acceso abierto ya que no permite la identificación de un individuo.

Para cáncer de hígado se han descargado datos sobre 462 pacientes, de los cuales 404 tenían cáncer (87,4 %) y 58 estaban sanos (12,6 %). Para cáncer de colon-recto, se han descargado datos sobre 695 pacientes: 644 con cáncer (92,7 %) y 58 sanos (7,3 %). Es relevante destacar el desequilibrio existente entre las dos principales clases del problema, debido a que no a todos los pacientes con cáncer se les secuencia también la parte de tejido sano adyacente al tumor que se suele usar como muestra de control.

#### 4.2.2. Análisis

Para el análisis se ha utilizado el software estadístico R (v.4.0.1) [77] y {KnowSeq} (v.1.2.0) [58], paquete de R que ha sido desarrollado por los tutores del presente trabajo y en el que el autor ha contribuido con algunas mejoras y actualizaciones (<https://github.com/CasedUgr/KnowSeq/commits?author=danielredondo>):

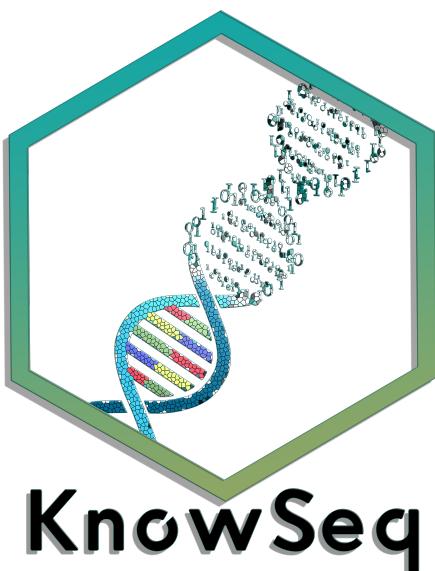
- Corregir un fallo que hacía que el método de selección de características RF no funcionase correctamente ante problemas de clasificación multiclase.
- Mantener los parámetros óptimos de SVM (coste y gamma) y kNN ( $k$ ) encontrados tras optimización de los parámetros (*tuning*) en conjunto de entrenamiento para aplicarlos directamente en el modelo para el conjunto de test.
- Pequeñas modificaciones en la documentación de funciones.

{KnowSeq} está además disponible en Docker con el comando `Docker run -it casedugr/knowseq` y en Bioconductor, la plataforma de código abierto en R más

## CAPÍTULO 4. DETECCIÓN DE BIOMARCADORES EN CÁNCER DE HÍGADO Y COLON-RECTO

36  
relevante para el análisis de datos de genómica y transcriptómica [78].

**Figura 6.** Logo de {KnowSeq}.



Todo el código de los análisis está disponible la carpeta `analisis_higado` del repositorio de GitHub asociado al trabajo [79]. Para asegurar la reproducibilidad de los análisis, en el fichero `session_info.txt` del repositorio de GitHub [79] se muestran todos los paquetes utilizados y sus versiones como resultado de ejecutar `devtools::session_info()`.

Se utilizan técnicas de visualización de datos para una mejor comprensión de los resultados, utilizando diagramas de Sankey, gráficos de líneas y cajas, y mapas de calor.

### 4.3. Características clínicas de los tumores

A continuación se describe la información clínica de aquellas personas diagnosticadas con cáncer. La plataforma GDC Portal permite descargar información clínica sobre los pacientes que tienen casos de cáncer, aunque no sobre los casos sanos [73]. De cualquier forma, las muestras de tejido sano suelen ser tomadas de tejido adyacente al tumor del mismo paciente.

#### 4.3.1. Características clínicas para cáncer de hígado

En la Tabla 9 se muestra la distribución de casos de cáncer de hígado según algunas variables clínicas de interés. Los casos se recogieron entre los años 1995 y 2013, con el 67,6 % de los casos recogidos entre los años 2010 y 2013. La mayoría de los casos son hombres (65,3 %), están diagnosticados en estadios iniciales (70,3 % en estadios I y II) y son carcinomas hepatocelulares (89,6 %). La edad media de diagnóstico es de 60,1 años (mediana: 61,7 años), con un rango de edad que comprende de los 16 a los 87 años. Más de la mitad de los casos son blancos (52,5 %), que es la raza más común seguida por asiáticos (39,9 %) y negros o afroamericanos (4,7 %). Aproximadamente dos de cada tres personas estaban vivas en el momento del último contacto realizado (63,6 %).

**CAPÍTULO 4. DETECCIÓN DE BIOMARCADORES EN CÁNCER DE  
38 HÍGADO Y COLON-RECTO**

**Tabla 9.** Características clínicas de los casos de cáncer de hígado. Distribución de casos y porcentaje según sexo, grupo de edad, raza, diagnóstico primario, estadio y estado vital.

	Número de casos	Porcentaje
<b>Total</b>	404	100 %
<b>Sexo</b>		
Hombre	264	65,3 %
Mujer	140	34,7 %
<b>Grupo de edad</b>		
≤40 años	34	8,4 %
41-50 años	40	9,9 %
51-60 años	106	26,2 %
61-70 años	127	31,4 %
71-80 años	77	19,1 %
> 80 años	16	4,0 %
Desconocido	4	1,0 %
<b>Raza</b>		
Blanco	212	52,5 %
Asiático	161	39,9 %
Negro o afroamericano	19	4,7 %
Desconocido	10	2,5 %
Indio americano o nativo de Alaska	2	0,5 %
<b>Diagnóstico primario</b>		
Carcinoma hepatocelular	362	89,6 %
Colangiocarcinoma	33	8,2 %
Otros	8	2,0 %
<b>Estadio</b>		
Estadio I	189	46,8 %
Estadio II	95	23,5 %
Estadio III	82	20,3 %
Estadio IV	7	1,7 %
Desconocido	31	7,7 %
<b>Estado vital</b>		
Vivo	257	63,6 %
Fallecido	146	36,1 %
Desconocido	1	0,2 %

En la Tabla 10 se muestran tablas de contingencia del estado vital según sexo, grupo de edad y estadio. Se han realizado pruebas de chi cuadrado ( $\chi^2$ ) [80] para evaluar la independencia o no del estado vital con respecto a las distintas variables, aplicando la corrección de Yates [81] cuando fue necesario.

El código completo del análisis se muestra en el fichero `analisis_higado/01_analisis_datos_clinicos.R` del repositorio de GitHub asociado al trabajo [79].

**Tabla 10.** Características clínicas de los casos de cáncer de hígado. Distribución de estado vital según sexo, grupo de edad, diagnóstico primario y estadio.

	Vivos	Fallecidos	p-valor
<b>Número de tumores</b>	257	146	
<b>Sexo</b>			0,033
Hombre	178 (67,7 %)	85 (32,3 %)	
Mujer	79 (83,2 %)	16 (16,8 %)	
<b>Grupo de edad</b>			0,018
≤40 años	24 (70,6 %)	10 (29,4 %)	
41-50 años	27 (67,5 %)	13 (32,5 %)	
51-60 años	68 (64,2 %)	38 (35,8 %)	
61-70 años	89 (70,6 %)	37 (29,4 %)	
71-80 años	42 (54,5 %)	35 (45,5 %)	
>80 años	5 (31,3 %)	11 (68,8 %)	
<b>Estadio</b>			<0,001
Estadio I	138 (73,4 %)	50 (26,6 %)	
Estadio II	64 (67,4 %)	31 (32,6 %)	
Estadio III	39 (47,6 %)	43 (52,4 %)	
Estadio IV	3 (42,9 %)	4 (57,1 %)	
<b>Diagnóstico primario</b>			0,126
Carcinoma hepatocelular	233 (64,4 %)	129 (35,6 %)	
Colangiocarcinoma	17 (51,5 %)	16 (48,5 %)	
Otros	7 (87,5 %)	1 (12,5 %)	

Para las variables con datos faltantes se ha realizado un análisis de casos completos. La mortalidad entre los casos es el doble en hombres (32,3 %) que en mujeres

## CAPÍTULO 4. DETECCIÓN DE BIOMARCADORES EN CÁNCER DE HÍGADO Y COLON-RECTO

---

(16,8 %), y aumenta conforme aumenta la edad, desde 29,4 % en menores de 41 años hasta 68,8 % en mayores de 80 años. El estadio es uno de los principales factores pronósticos del cáncer, algo que se refleja en la gran diferencia existente en la mortalidad entre estadios. En los estadios iniciales (I-II) la mortalidad está cerca al 30 % y en los más avanzados (III-IV) más cerca del 55 %. Se detecta una dependencia entre el estado vital y todas las variables consideradas excepto el diagnóstico primario, con p-valores <0,05.

### 4.3.2. Características clínicas para cáncer de colon-recto

Añadir a este análisis descriptivo el diagnóstico primario, o sublocalización colon-recto, tras ver en los análisis multiclase qué se puede detectar mejor.

En la Tabla 11 se muestra la distribución de casos de cáncer de colon-recto según algunas variables de interés. Los casos se recogieron entre los años 1998 y 2013, con la mayoría de los casos recogidos entre los años 2007 y 2011. La proporción entre hombres y mujeres es similar (53,1 % y 46,9 % respectivamente), y los estadios más comunes son los intermedios (estadio II: 36,3 % y estadio III: 28,7 %). La edad media de diagnóstico es de 66,7 años (mediana: 68,1 años), con un rango de edad de entre 31 y 90 años. Aproximadamente la mitad de los pacientes son blancos (47,3 %), que es la raza más común seguida por negros o afroamericanos (10,5 %) y asiáticos (2,1 %). Se desconoce la raza del 40,0 % de las personas. Aproximadamente cuatro de cada cinco personas estaban vivas en el momento del último contacto realizado (79,2 %).

**Tabla 11.** Características clínicas de los casos de cáncer de colon-recto. Distribución de casos y porcentaje según sexo, grupo de edad, estadio, raza y estado vital.

	Número de casos (Porcentaje)
<b>Total</b>	620 (100 %)
<b>Sexo</b>	
Hombre	329 (53,1 %)
Mujer	291 (46,9 %)
<b>Grupo de edad</b>	
≤40 años	16 (2,6 %)
41-50 años	59 (9,5 %)
51-60 años	101 (16,3 %)
61-70 años	173 (27,9 %)
71-80 años	171 (27,6 %)
>80 años	98 (15,8 %)
Desconocido	2 (0,3 %)
<b>Estadio</b>	
Estadio I	105 (16,9 %)
Estadio II	225 (36,3 %)
Estadio III	178 (28,7 %)
Estadio IV	89 (14,4 %)
Desconocido	23 (3,7 %)
<b>Raza</b>	
Blanco	293 (47,3 %)
Asiático	13 (2,1 %)
Negro o afroamericano	65 (10,5 %)
Desconocido	248 (40 %)
Indio americano o nativo de Alaska	1 (0,2 %)
<b>Estado vital</b>	
Vivo	491 (79,2 %)
Muerto	129 (20,8 %)

En la Tabla 12 se muestran tablas de contingencia del estado vital según sexo, grupo de edad y estadio. Se han realizado pruebas de chi cuadrado ( $\chi^2$ ) [80] para evaluar la independencia o no del estado vital con respecto a las distintas variables, aplicando la corrección de Yates [81] cuando fue necesario. El código completo del análisis se muestra en el fichero `analisis_cr/01_analisis_datos_clinicos.R`

**CAPÍTULO 4. DETECCIÓN DE BIOMARCADORES EN CÁNCER DE  
42 HÍGADO Y COLON-RECTO**

del repositorio de GitHub asociado al trabajo [79].

**Tabla 12.** Características clínicas de los casos de cáncer de colon-recto. Distribución de estado vital según sexo, grupo de edad y estadio.

	Vivos	Fallecidos	p-valor
<b>Número de tumores</b>	491	129	
<b>Sexo</b>			0,993
Hombre	260 (79,0 %)	69 (21,0 %)	
Mujer	231 (79,4 %)	60 (20,6 %)	
<b>Grupo de edad</b>			<0,001
≤40 años	14 (87,5 %)	2 (12,5 %)	
41-50 años	51 (86,4 %)	8 (13,6 %)	
51-60 años	85 (84,2 %)	16 (15,8 %)	
61-70 años	150 (86,7 %)	23 (13,3 %)	
71-80 años	120 (70,2 %)	51 (29,8 %)	
>80 años	70 (71,4 %)	28 (28,6 %)	
<b>Estadio</b>			<0,001
Estadio I	98 (93,3 %)	7 (6,7 %)	
Estadio II	192 (85,3 %)	33 (14,7 %)	
Estadio III	139 (78,1 %)	39 (21,9 %)	
Estadio IV	48 (53,9 %)	41 (46,1 %)	

Para las variables con datos faltantes se ha realizado un análisis de casos completos (exclusión del análisis de los casos con tenían datos faltantes). La mortalidad es muy similar en hombres y mujeres, sin diferencias significativas (p-valor: 0,993). Se detecta una dependencia entre el estado vital con las variables de grupo de edad y estadio, con p-valores <0,001. En mayores de 70 años la mortalidad está cerca del 30 %, el doble de la mortalidad existente en otros grupos de edad. Hay grandes diferencias de mortalidad en función del estadio diagnosticado, que pasa del 6,7 % en el estadio I al 46,1 % en el estadio IV.

## 4.4. Resultados de clasificación biclase para cáncer de hígado

Para la clasificación biclase en cáncer de hígado, se cuenta con 404 tumores y 58 muestras de tejido sano. El código completo del análisis esta disponible en el fichero `analisis_higado/03_analisis_biclase.R` del repositorio de GitHub asociado al trabajo [79].

**Tabla 13.** Distribución de tipos de muestra para el análisis de cáncer de hígado biclase.

	Número de casos	Porcentaje
Tumores	404	87,4 %
Tejido sano	58	12,6 %
Total	462	100 %

### 4.4.1. Entrenamiento de modelo

#### Preprocesamiento

Tras descargar los ficheros de GDC Portal y descomprimirlos con R (fichero `analisis_higado/02_descompresion` en GitHub [79]), se preprocesa la información para trabajar con matrices y data.frames. Se calcula la matriz de expresión de genes y se extrae la expresión diferencial de genes (DEG, por sus siglas en inglés: *differentially expressed genes*) utilizando un p-valor de  $p=0,001$  y controlando por el efecto batch usando el método SVA (*Surrogate Variable Analysis*) [82]. El efecto batch es un sesgo que se puede producir al procesar las muestras biológicas por tandas, y puede ocurrir por varias razones como las condiciones del laboratorio, diferencias entre personal, o incluso la hora del día a la que se procesan las muestras [83, 84]. Para la extracción de DEG se fija además un LFC (*log fold change*) de 1, esto es, un gen sólo se considera un DEG si una de las dos expresiones de genes (ya sea de tumores o tejidos sanos) es al menos el doble que la otra. De los 24.645 genes originales se extraen 2.274 genes que presentan en su expresión diferencias significativas entre las muestras de tumores y las de tejido sano.

¿La extracción de genes relevantes (DEG) no debería hacerse sólo con datos de

## CAPÍTULO 4. DETECCIÓN DE BIOMARCADORES EN CÁNCER DE HÍGADO Y COLON-RECTO

---

entrenamiento? He visto que en la literatura también se hace como en este trabajo (extracción de DEGs antes de partición train-test) <https://www.nature.com/articles/s41598-020-60595-1> pero no entiendo bien el por qué...

### Partición entrenamiento-test

Se realiza una partición entrenamiento-test con balanceo de clases: 75 % de las muestras de cada clase pasan a formar parte del conjunto de entrenamiento, y el 25 % restante del conjunto de test. En la Tabla **Figura X** se muestra la partición realizada en un diagrama de Sankey.

**Tabla 14.** Distribución entrenamiento-test según tipo de muestra y proporción entre clases (tumores/tejido sano) para el análisis de hígado biclase.

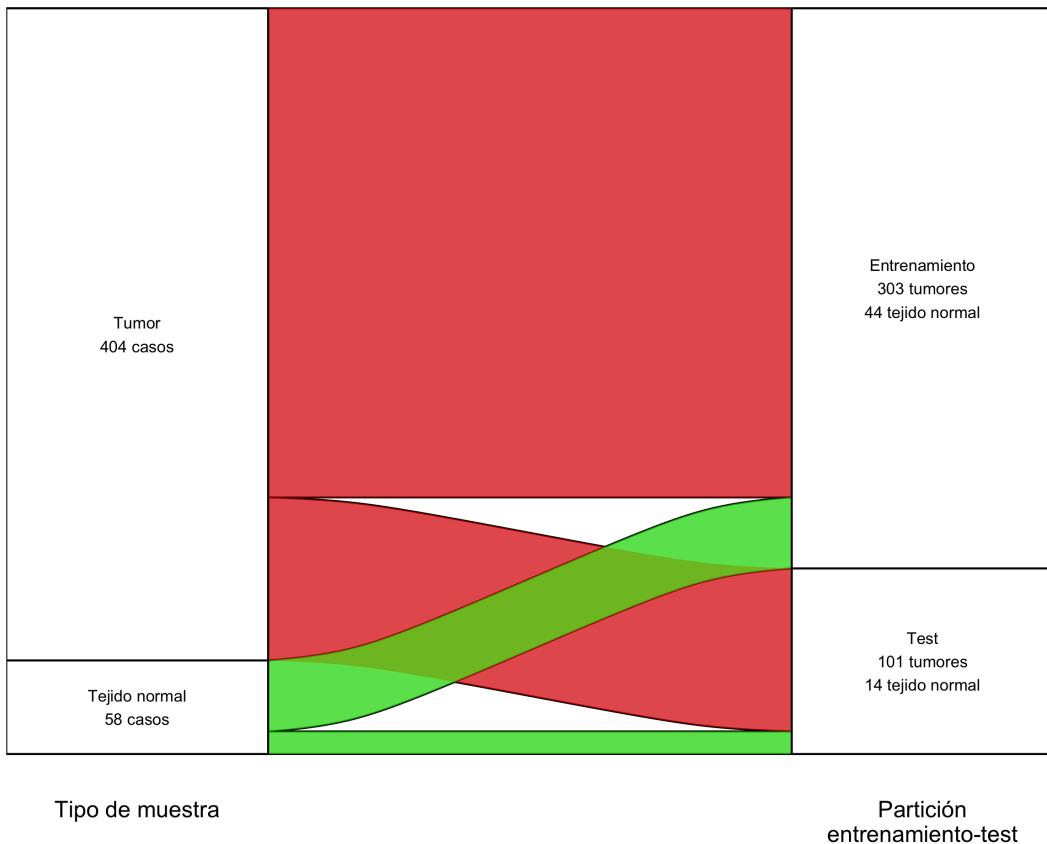
	Total	Entrenamiento	Test
<b>Tumores</b>	404 (100 %)	303 (75,0 %)	101 (25,0 %)
<b>Tejido sano</b>	58 (100 %)	44 (75,9 %)	14 (24,1 %)
<b>Proporción tumores/sanos</b>	6,97	6,89	7,21

**Figura XX.** Diagrama de Sankey mostrando la partición entrenamiento-test realizada según tipo de muestra para el análisis de hígado biclase.

#### 4.4. RESULTADOS DE CLASIFICACIÓN BICLASE PARA CÁNCER DE HÍGADO

45

Partición en conjuntos de entrenamiento y test  
Reparto 75% - 25% con balanceo de clases



#### Genes más relevantes

A continuación se utiliza el conjunto de entrenamiento para seleccionar los diez genes más relevantes mediante tres métodos distintos de selección de características (mRMR, RF y DA, detallados en el capítulo anterior).

**Tabla 15.** Diez genes más relevantes según los distintos métodos de selección de características para el análisis de hígado biclase.

**CAPÍTULO 4. DETECCIÓN DE BIOMARCADORES EN CÁNCER DE  
46 HÍGADO Y COLON-RECTO**

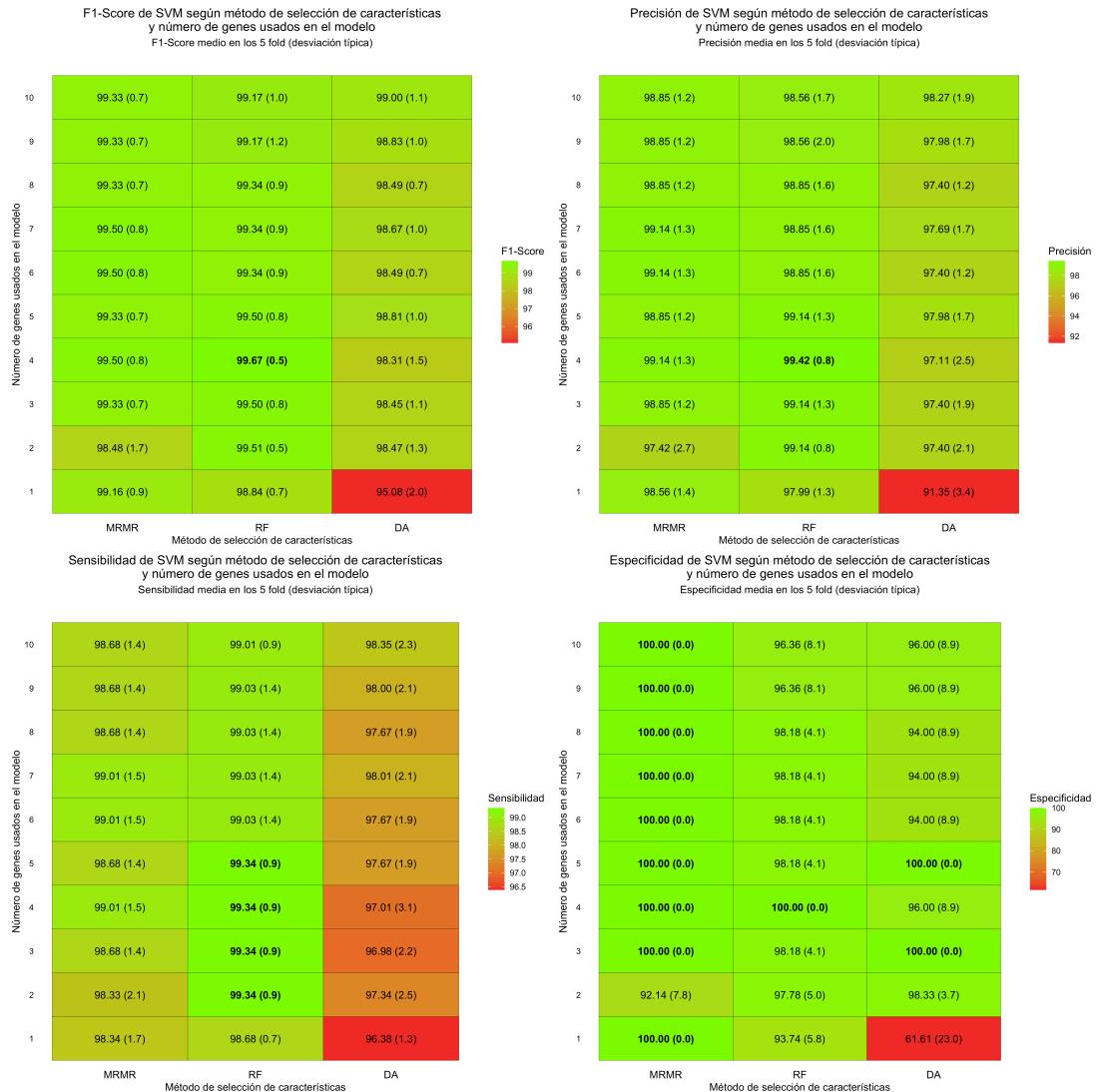
<b>Ranking</b>	<b>mRMR</b>	<b>RF</b>	<b>DA</b>
1	ANGPTL6	ANGPTL6	TERT
2	THY1	PTH1R	RSPO3
3	ADAMTS13	ADAMTS13	HOXA13
4	CELSR3	BMPER	SIX1
5	CCNE1	PRC1	TOP2A
6	CDH13	CLEC4G	GPC3
7	C14orf180	VIPR1	SSX1
8	GABRD	CLEC4M	BUB1B
9	AP000439.2	OIT3	RET
10	CEP152	GABRD	ESR1

## 4.4. RESULTADOS DE CLASIFICACIÓN BICLASE PARA CÁNCER DE HÍGADO

47

### Validación cruzada - SVM

**Figura XX.** Mapa de calor con valores medios y desviación típica de los 5-fold de F1-Score, precisión, sensibilidad y especificidad de SVM según método de selección de características y número de genes usados.

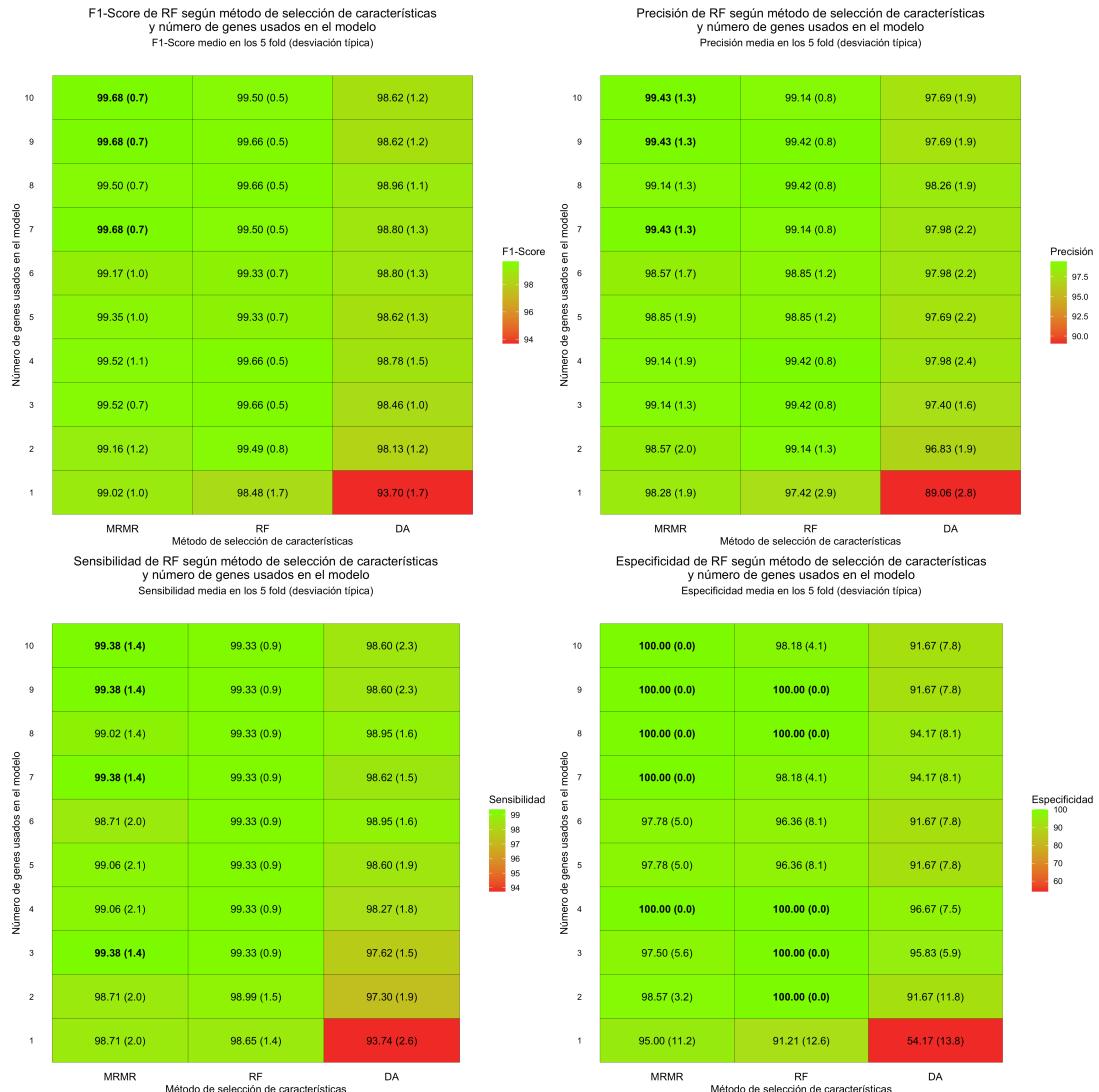


## CAPÍTULO 4. DETECCIÓN DE BIOMARCADORES EN CÁNCER DE HÍGADO Y COLON-RECTO

### 48

#### Validación cruzada - RF

**Figura XX.** Mapa de calor con valores medios y desviación típica de los 5-fold de F1-Score, precisión, sensibilidad y especificidad de RF según método de selección de características y número de genes usados.

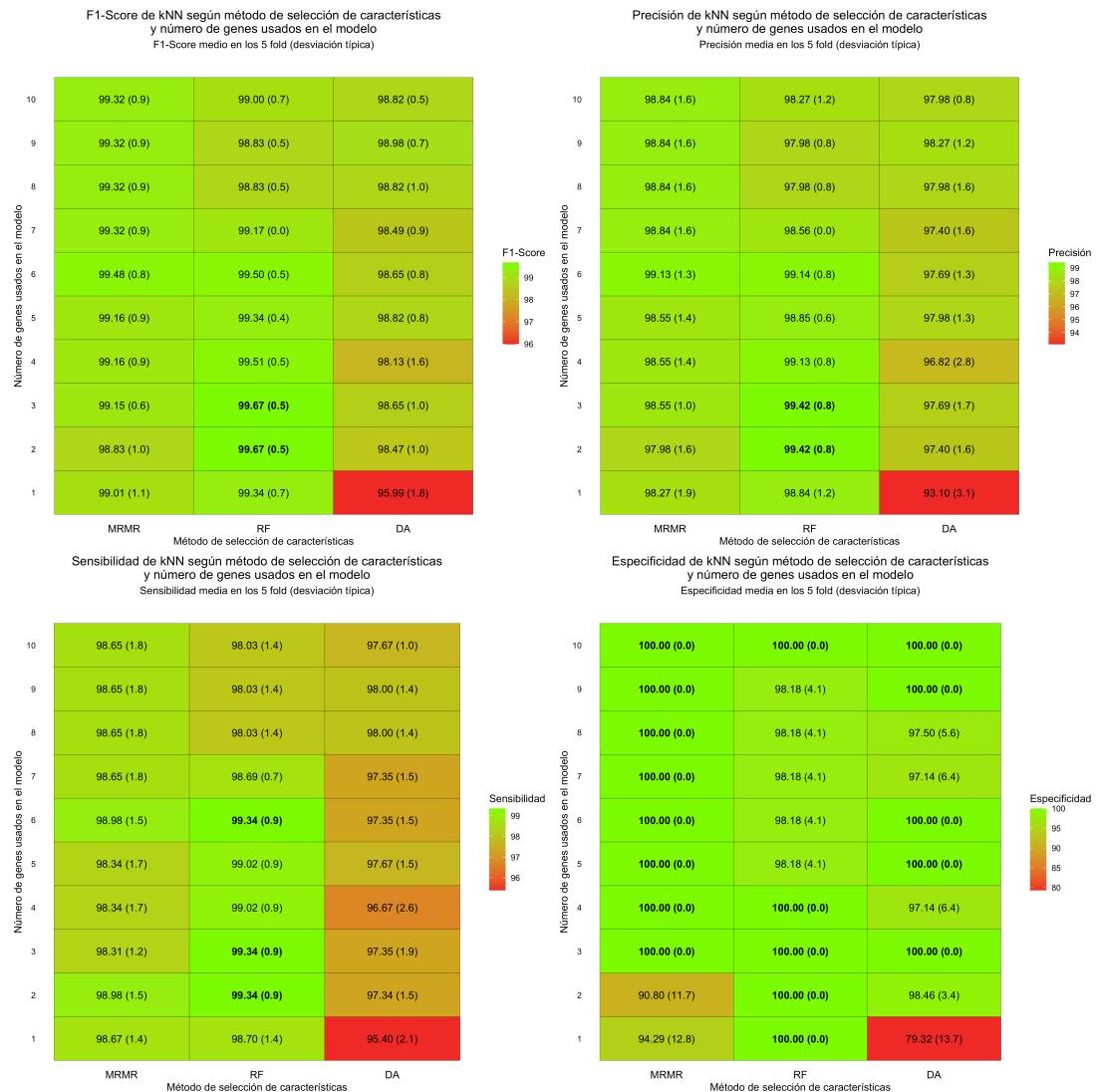


#### 4.4. RESULTADOS DE CLASIFICACIÓN BICLASE PARA CÁNCER DE HÍGADO

49

## Validación cruzada - kNN

**Figura XX.** Mapa de calor con valores medios y desviación típica de los 5-fold de F1-Score, precisión, sensibilidad y especificidad de kNN según método de selección de características y número de genes usados.



#### **4.4.2. Validación en test**

#### **4.5. Resultados de clasificación multiclase para cáncer de hígado**

El código completo del análisis se muestra en el fichero `analisis_higado/04_analisis_multiclas.R` del repositorio de GitHub asociado al trabajo [79].

#### **4.6. Resultados de clasificación biclase para cáncer de colon-recto**

Completar una vez esté depurado el análisis de cáncer de hígado.

#### **4.7. Resultados de clasificación multiclase para cáncer de colon-recto**

Completar una vez esté depurado el análisis de cáncer de hígado.

#### **4.8. Conclusiones**

Interpretar resultados con cautela: ver pág. 65 de [85] (referencias 77-79). Puede haber también con validación externa de los resultados.

No sustituye en ningún caso a médicos, es algo complementario.

## **5. biomaRcadores: una aplicación web interactiva para detección de biomarcadores**

---

### **5.1. Desarrollo de la aplicación**

Shiny, versión, documentación breve sobre Shiny, reactividad, incluye CSS, accesible a todo el mundo (Shiny Server, o añadir referencia a shinyapps.io)... [?].

El fichero `shiny\app.R` del repositorio de GitHub asociado al trabajo [79] contiene el código de R desarrollado para crear la aplicación web.

### **5.2. Utilidades de la aplicación**

Útil para realizar análisis genéticos para personas sin apenas conocimientos previos de programación. Capturas de pantalla con ejemplos. Quizá grabar vídeo mostrando la aplicación (y subir GIF a README del repositorio de GitHub).



## **6. Conclusiones y líneas abiertas de trabajo**

---

Añadir otros métodos de selección de características como daRed (que tiene en cuenta información redundante entre genes) y otros métodos de clasificación (p.e. SVM con otros núcleos)

KnowSeqWeb, interfaz web para acercar el uso de KnowSeq a personas sin conocimientos de programación: personal médico, etc. Resaltar diferencias entre KnowSeqWeb y biomaRcadores: multiclase/biclase, sin preprocesamiento/con, proceso automático/guiado con más capacidad de decisión, ...

Más mejoras de KnowSeq

## Bibliografía

- [1] American Cancer Society. What is Cancer? Disponible en: <https://www.cancer.org/cancer/cancer-basics/what-is-cancer.html> [Consultado 18/06/2020].
- [2] National Cancer Institute. What is Cancer? Disponible en: <https://www.cancer.gov/about-cancer/understanding/what-is-cancer> [Consultado 18/06/2020].
- [3] Lucia Migliore and Fabio Coppedè. Genetic and environmental factors in cancer pathogenesis. *Mutation Research*, 512:135–153, 2012.
- [4] Benjamin A Pierce. *Genética: Un enfoque conceptual*. Editorial Médica Panamericana, 3<sup>a</sup> edition, 2010.
- [5] World Health Organization. *World Cancer Report 2014*. 2014.
- [6] World Health Organization. *World Cancer Report. Cancer research for cancer prevention*. 2020.
- [7] V. J. Cogliano, R. Baan, K. Straif, Y. Grosse, B. Lauby-Secretan, F. El Ghissassi, V. Bouvard, L. Benbrahim-Tallaa, N. Guha, C. Freeman, L. Galichet, and C. P. Wild. Preventable Exposures Associated With Human Cancers. *JNCI Journal of the National Cancer Institute*, 103(24):1827–1839, 2011.
- [8] World Health Organization (WHO). *ICD-10: International Statistical Classification of diseases and related health problems: 10th revision*. 1990.
- [9] Ministerio de Sanidad Consumo y Bienestar Social. Edición electrónica de la CIE-10-ES Diagnósticos. Disponible en: [https://eciemaps.mscbs.gob.es/ecieMaps/browser/index\\_10\\_mc.html](https://eciemaps.mscbs.gob.es/ecieMaps/browser/index_10_mc.html) [Consultado 21/06/2020].
- [10] Sherif R. Z. Abdel-Misih and Mark Bloomston. Liver Anatomy. *Surgical Clinics of North America*, 90(4):643–653, 2010.
- [11] Elijah Trefts, Maureen Gannon, and David H. Wasserman. The liver. *Current Biology*, 27(21):R1147–R1151, 2017.
- [12] American Cancer Society. Liver Cancer Risk Factors. Disponible en: <https://www.cancer.org/cancer/liver-cancer/causes-risks-prevention/risk-factors.html> [Consultado 18/06/2020], 2019.

- [13] Jorge A. Marrero, Robert J. Fontana, Sherry Fu, Hari S. Conjeevaram, Grace L. Su, and Anna S. Lok. Alcohol, tobacco and obesity are synergistic risk factors for hepatocellular carcinoma. *Journal of Hepatology*, 42(2):218–224, 2005.
- [14] Laura L. Azzouz and Sandeep Sharma. *Physiology, Large Intestine*. 2020.
- [15] American Cancer Society. Colorectal Cancer Risk Factors. Disponible en: <https://www.cancer.org/cancer/colon-rectal-cancer/causes-risks-prevention/risk-factors.html> [Consultado 20/06/2020].
- [16] Henry T. Lynch and Albert de la Chapelle. Hereditary Colorectal Cancer. *New England Journal of Medicine*, 348(10):919–932, 2003.
- [17] B. Levin, D. A. Lieberman, B. McFarland, R. A. Smith, D. Brooks, K. S. Andrews, C. Dash, F. M. Giardiello, S. Glick, T. R. Levin, P. Pickhardt, D. K. Rex, A. Thorson, and S. J. Winawer. Screening and Surveillance for the Early Detection of Colorectal Cancer and Adenomatous Polyps, 2008: A Joint Guideline from the American Cancer Society, the US Multi-Society Task Force on Colorectal Cancer, and the American College of Radiology. *CA: A Cancer Journal for Clinicians*, 58(3):130–160, 2008.
- [18] Thomas M. Schmidt. *Encyclopedia of Microbiology*. Academic Press, 4th editio edition, 2019.
- [19] Zne-Jung Lee. An integrated algorithm for gene selection and classification applied to microarray data of ovarian cancer. *Artificial Intelligence in Medicine*, 42(1):81–93, jan 2008.
- [20] Rosalia Maglietta, Annarita D'Addabbo, Ada Piepoli, Francesco Perri, Sabino Liuni, Graziano Pesole, and Nicola Ancona. Selection of relevant genes in cancer diagnosis based on their prediction accuracy. *Artificial Intelligence in Medicine*, 40(1):29–44, may 2007.
- [21] Rory Stark, Marta Grzelak, and James Hadfield. RNA sequencing: the teenage years. *Nature Reviews Genetics*, 20(11):631–656, 2019.
- [22] Marcel C. Van Verk, Richard Hickman, Corné M.J. Pieterse, and Saskia C.M. Van Wees. RNA-Seq: revelation of the messengers. *Trends in Plant Science*, 18(4):175–179, apr 2013.

- [23] B MacMahon and TF Pugh. *Epidemiology: Principles and Methods*. 1970.
- [24] Miquel Porta, editor. *A Dictionary of Epidemiology*. Fifth edit edition, 2008.
- [25] Freddie Bray, Jacques Ferlay, Isabelle Soerjomataram, Rebecca L. Siegel, Lindsey A. Torre, and Ahmedin Jemal. Global cancer statistics 2018: GLOBOCAN estimates of incidence and mortality worldwide for 36 cancers in 185 countries. *CA: A Cancer Journal for Clinicians*, 68(6):394–424, 2018.
- [26] International Agency for Research on Cancer and World Health Organization. Global Cancer Observatory, Cancer Today. Disponible en: <https://gco.iarc.fr/today/home> [Consultado 21/06/2020].
- [27] European Comission. ECIS - European Cancer Information System. Disponible en: <https://ecis.jrc.ec.europa.eu> [Consultado 21/06/2020].
- [28] J. Ferlay, M. Colombet, I. Soerjomataram, T. Dyba, G. Randi, M. Bettio, A. Gavin, O. Visser, and F. Bray. Cancer incidence and mortality patterns in Europe: Estimates for 40 countries and 25 major cancers in 2018. *European Journal of Cancer*, 103:356–387, 2018.
- [29] Claudia Allemani, Tomohiro Matsuda, Veronica Di Carlo, Rhea Harewood, Melissa Matz, Maja Nikšić, Audrey Bonaventure, Mikhail Valkov, Christopher J Johnson, Jacques Estève, Olufemi J Ogunbiyi, Gulnar Azevedo e Silva, Wan-Qing Chen, Sultan Eser, Gerda Engholm, Charles A Stiller, Alain Monnereau, Ryan R Woods, Otto Visser, Gek Hsiang Lim, Joanne Aitken, Hannah K Weir, and Michel P Coleman. Global surveillance of trends in cancer survival 2000–14 (CONCORD-3): analysis of individual records for 37 513 025 patients diagnosed with one of 18 cancers from 322 population-based registries in 71 countries. *The Lancet*, 391(10125):1023–1075, mar 2018.
- [30] Roberta De Angelis, Milena Sant, Michel P Coleman, Silvia Francisci, Paolo Baili, Daniela Pierannunzio, Annalisa Trama, Otto Visser, Hermann Brenner, Eva Ardanaz, Magdalena Bielska-Lasota, Gerda Engholm, Alice Nenneke, Sabine Siesling, Franco Berrino, and Riccardo Capocaccia. Cancer survival in Europe 1999–2007 by country and age: results of EUROCARE-5—a population-based study. *The Lancet Oncology*, 15(1):23–34, jan 2014.
- [31] Red Española de Registros de Cáncer (REDECAN). Estimaciones de la incidencia del cáncer en España, 2020. Disponible

- en: [https://funca.cat/redecan/redecan.org/es/Informe\\_incidencia\\_REDECAN\\_2020.pdf](https://funca.cat/redecan/redecan.org/es/Informe_incidencia_REDECAN_2020.pdf) [Consultado 18/06/2020].
- [32] Marcela Guevara, Amaia Molinuevo, Diego Salmerón, Rafael Marcos-Gragera, María Dolores Chirlaque, José Ramón Quirós, Araceli Alemán, Dolores Rojas, Consol Sabater, Matilde Chico, Rosario Jiménez, Arantza López de Munain, Visitación de Castro, María José Sánchez, Josefina Perucha, Carmen Sánchez-Contador, Jaume Galceran, Eva Ardanaz, and Nerea Larrañaga. Supervivencia de Cáncer en España, 2002-2013. Disponible en: [https://funca.cat/redecan/redecan.org/es/Informe\\_Supervivencia\\_REDECAN\\_2020.pdf](https://funca.cat/redecan/redecan.org/es/Informe_Supervivencia_REDECAN_2020.pdf) [Consultado 26/06/2020], 2019.
- [33] Ministerio de Sanidad Consumo y Bienestar Social. Estadísticas de defunciones según la causa de muerte. Disponible en: <https://pestadistico.inteligenciadegestion.mscbs.es/> [Consultado 21/06/2020].
- [34] Instituto Nacional de Estadística (INE). Estadísticas de cifras de población. Disponible en: <http://ine.es/> [Consultado 21/06/2020].
- [35] Daniel Redondo-Sánchez. Modelización Matemática de la Estimación de Incidencia de Cáncer. 2019.
- [36] IARC. *Registros de Cáncer: Principios y Métodos*. 1995.
- [37] Segi M. Cancer mortality for selected sites in 24 countries (1950–57). *Sendai, Japan: Department of Public Health, Tohoku University of Medicine.*, 1960.
- [38] Waterhouse PAH Doll R, Payne P. Cancer incidence in five continents, Volume I. *Geneva: Union Internationale Contre le Cancer.*, 1966.
- [39] JAH Waterhouse, CS Muir, P Correa, and J Powell. Cancer incidence in five continents, Volume III. *Lyon: IARC*, page 3:456, 1976.
- [40] EUROSTAT. Revision of the European standard population: Report of the Eurostat's task force. Technical report, Luxembourg: European Union., 2013.
- [41] Randy Gordon. Skin Cancer: An Overview of Epidemiology and Risk Factors. *Seminars in Oncology Nursing*, 29(3):160–169, aug 2013.
- [42] Vishal Madan, John T Lear, and Rolf-Markus Szeimies. Non-melanoma skin cancer. *The Lancet*, 375(9715):673–685, feb 2010.

- [43] Miroslav Zavoral, Stepan Suchanek, Filip Zavada, Ladislav Dusek, Jan Mužík, Bohumil Seifert, and Premysl Fric. Colorectal cancer screening in Europe. *World Journal of Gastroenterology*, 15(47):5907, 2009.
- [44] World Health Organization. Cancer factsheet. Disponible en: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/cancer> [Consultado 29/06/2020], 2018.
- [45] Eric P Xing, Michael I Jordan, and Richard M Karp. Feature Selection for High-Dimensional Genomic Microarray Data.
- [46] Khawla Tadist, Said Najah, Nikola S. Nikolov, Fatiha Mrabti, and Azeddine Zahi. Feature selection methods and genomic big data: a systematic review. *Journal of Big Data*, 6(1):79, dec 2019.
- [47] Richard Bellman. *Dynamic Programming*. 1957.
- [48] Richard Bellman. *Adaptive Control Processes: A Guided Tour*. 1961.
- [49] Ignacio Rojas, Luis Javier Herrera Maldonado, and Daniel Castillo Secilla. Apuntes de la asignatura Biología Computacional con Big Data omics e Ingeniería Biomédica. Máster de Ciencia de Datos e Ingeniería de Computadores. Universidad de Granada. 2020.
- [50] Dan He, Irina Rish, David Haws, and Laxmi Parida. MINT: Mutual Information Based Transductive Feature Selection for Genetic Trait Prediction. *IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics*, 13(3):578–583, may 2016.
- [51] Daphne Koller and Mehran Sahami. Toward Optimal Feature Selection. In *ICML*, 1996.
- [52] Hanchuan Peng, Fuhui Long, and C. Ding. Feature selection based on mutual information criteria of max-dependency, max-relevance, and min-redundancy. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 27(8):1226–1238, aug 2005.
- [53] Chris Ding and Hanchuan Peng. Minimum Redundancy Feature Selection from microarray gene expression data. *Journal of Bioinformatics and Computational Biology*, 3(2):185–205, 2005.

- [54] J Yang, Z Zhu, S He, and Z Ji. Minimal-redundancy-maximal-relevance feature selection using different relevance measures for omics data classification. *IEEE symposium on computational intelligence in bioinformatics and computational biology (CIBCB)*, pages 246–51, 2013.
- [55] Juan Manuel Gálvez, Daniel Castillo, Luis Javier Herrera, Belén San Román, Olga Valenzuela, Francisco Manuel Ortúño, and Ignacio Rojas. Multiclass classification for skin cancer profiling based on the integration of heterogeneous gene expression series. *PLOS ONE*, 13(5):e0196836, may 2018.
- [56] Daniel Castillo, Juan Manuel Galvez, Luis J. Herrera, Fernando Rojas, Olga Valenzuela, Octavio Caba, Jose Prados, and Ignacio Rojas. Leukemia multiclass assessment and classification from Microarray and RNA-seq technologies integration at gene expression level. *PLOS ONE*, 14(2):e0212127, feb 2019.
- [57] Juan Manuel Galvez, Daniel Castillo, Luis J. Herrera, Olga Valenzuela, Octavio Caba, Jose Carlos Prados, Francisco Manuel Ortuno, and Ignacio Rojas. Towards Improving Skin Cancer Diagnosis by Integrating Microarray and RNA-seq Datasets. *IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics*, pages 1–1, 2020.
- [58] Daniel Castillo-Secilla, Juan Manuel Galvez, Francisco Carrillo-Perez, Marta Verona-Almeida, Francisco Manuel Ortuno, Luis Javier Herrera, and Ignacio Rojas. KnowSeq: KnowSeq R/Bioc package: Beyond the traditional Transcriptomic pipeline. Disponible en: <https://github.com/CasedUgr/KnowSeq>, 2020.
- [59] Miron B Kursa. praznik: Tools for Information-Based Feature Selection. Disponible en: <https://CRAN.R-project.org/package=praznik>, 2020.
- [60] Leo Breiman. Random Forest. *Machine Learning*, (45):5–32, 2001.
- [61] Leo Breiman. Manual on setting up, using, and understanding random forest. Technical report, 2002.
- [62] Gilles Louppe, Louis Wehenkel, Antonio Sutera, and Pierre Geurts. Understanding variable importances in forest of randomized trees. In *Proceedings of the 26th International Conference on Neural Information Processing Systems*, pages 431–439, 2013.

- [63] Andy Liaw and Matthew Wiener. Classification and Regression by randomForest. Disponible en: <https://CRAN.R-project.org/doc/Rnews/>, 2002.
- [64] Open Targets. Target Validation: Open Targets Platform. Disponible en: <https://www.targetvalidation.org> [Consultado 07/07/2020].
- [65] Bernhard E. Boser, Isabelle M. Guyon, and Vladimir N. Vapnik. A training algorithm for optimal margin classifiers. In *Proceedings of the fifth annual workshop on Computational learning theory - COLT '92*, pages 144–152, New York, New York, USA, 1992. ACM Press.
- [66] Kai-Bo Duan and S. Sathiya Keerthi. Which Is the Best Multiclass SVM Method? An Empirical Study. pages 278–285. 2005.
- [67] David Meyer, Evgenia Dimitriadou, Kurt Hornik, Andreas Weingessel, and Friedrich Leisch. e1071: Misc Functions of the Department of Statistics, Probability Theory Group (Formerly: E1071), TU Wien. Disponible en: <https://CRAN.R-project.org/package=e1071>, 2019.
- [68] Leo Breiman. Bagging Predictors. *Machine Learning*, 24:123–140, 1996.
- [69] N. S. Altman. An Introduction to Kernel and Nearest-Neighbor Nonparametric Regression. *The American Statistician*, 46(3):175–185, aug 1992.
- [70] Li-Yu Hu, Min-Wei Huang, Shih-Wen Ke, and Chih-Fong Tsai. The distance function effect on k-nearest neighbor classification for medical datasets. *SpringerPlus*, 5(1):1304, dec 2016.
- [71] Max Kuhn. caret: Classification and Regression Training. Disponible en <https://CRAN.R-project.org/package=caret>, 2020.
- [72] Alaa Tharwat. Classification assessment methods. *Applied Computing and Informatics*, aug 2018.
- [73] National Cancer Institute and National Institutes of Health. GDC Portal. Disponible en: <https://portal.gdc.cancer.gov/> [Consultado 22/06/2020].
- [74] National Cancer Institute. National Cancer Institute. Disponible en: <https://www.cancer.gov> [Consultado 22/06/2020].

- [75] Robert L. Grossman, Allison P. Heath, Vincent Ferretti, Harold E. Varmus, Douglas R. Lowy, Warren A. Kibbe, and Louis M. Staudt. Toward a Shared Vision for Cancer Genomic Data. *New England Journal of Medicine*, 375(12):1109–1112, 2016.
- [76] National Cancer Institute. The Cancer Genome Atlas Program. Disponible en: <https://www.cancer.gov/about-nci/organization/ccg/research/structural-genomics/tcga> [Consultado 05/07/2020].
- [77] R Core Team. R: A Language and Environment for Statistical Computing, 2020.
- [78] Robert C Gentleman, Vincent J Carey, Douglas M Bates, Ben Bolstad, Marcel Dettling, Sandrine Dudoit, Byron Ellis, Laurent Gautier, Yongchao Ge, Jeff Gentry, Kurt Hornik, Torsten Hothorn, Wolfgang Huber, Stefano Iacus, Rafael Irizarry, Friedrich Leisch, Cheng Li, Martin Maechler, Anthony J Rossini, Gunther Sawitzki, Colin Smith, Gordon Smyth, Luke Tierney, Jean Y H Yang, and Jianhua Zhang. Bioconductor: open software development for computational biology and bioinformatics. *Genome biology*, 5(10):R80, 2004.
- [79] Daniel Redondo-Sánchez. Repositorio GitHub: Epidemiología y detección de biomarcadores en cáncer. Disponible en: [https://github.com/danielredondo/TFM\\_ciencia\\_de\\_datos](https://github.com/danielredondo/TFM_ciencia_de_datos).
- [80] Karl Pearson. On the criterion that a given system of deviations from the probable in the case of a correlated system of variables is such that it can be reasonably supposed to have arisen from random sampling. *The London, Edinburgh, and Dublin Philosophical Magazine and Journal of Science*, 50(302):157–175, jul 1900.
- [81] F. Yates. Contingency Tables Involving Small Numbers and the  $\chi^2$  Test. *Supplement to the Journal of the Royal Statistical Society*, 1(2):217, 1934.
- [82] Jeffrey T. Leek, W. Evan Johnson, Hilary S. Parker, Andrew E. Jaffe, and John D. Storey. The sva package for removing batch effects and other unwanted variation in high-throughput experiments. *Bioinformatics*, 28(6):882–883, mar 2012.

- [83] Wilson Wen Bin Goh, Wei Wang, and Limsoon Wong. Why Batch Effects Matter in Omics Data, and How to Avoid Them. *Trends in Biotechnology*, 35(6):498–507, jun 2017.
- [84] Jeffrey T. Leek, Robert B. Scharpf, Héctor Corrada Bravo, David Simcha, Benjamin Langmead, W. Evan Johnson, Donald Geman, Keith Baggerly, and Rafael A. Irizarry. Tackling the widespread and critical impact of batch effects in high-throughput data. *Nature Reviews Genetics*, 11(10):733–739, oct 2010.
- [85] Daniel Castillo Secilla. *Integration of heterogeneous gene expression sources in human cancer pathologies, employing high performance computing and machine learning techniques*. PhD thesis, 2020.