

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

Abstract	5
1. Introducción	7
1.1. Objetivos del trabajo	7
1.2. Cáncer	7
1.2.1. Cáncer de hígado	8
1.2.2. Cáncer de colon-recto	10
1.3. Ciencias -ómicas	11
1.3.1. Introducción a las ciencias ómicas	11
1.3.2. Genómica	12
1.3.3. Transcriptómica	12
1.3.4. Otras ciencias -ómicas	12
2. Epidemiología del cáncer	13
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

3. <i>Machine learning</i> aplicado a transcriptómica	27
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)	28
3.1.3. Asociación de enfermedades (DA)	28
3.2. Algoritmos de clasificación	28
3.2.1. Máquinas de soporte vectorial (SVM)	28
3.2.2. <i>Random Forest</i> (RF)	28
3.2.3. k-vecinos más cercanos (kNN)	28
3.2.4. Medidas de evaluación: precisión (<i>accuracy</i>) y F1-Score . .	28
4. Detección de biomarcadores en cáncer de hígado y colon-recto	29
4.1. Objetivos	29
4.2. Metodología	29
4.2.1. Fuente de datos	29
4.2.2. Análisis	31
4.3. Resultados: cáncer de hígado	31
4.3.1. Características clínicas de los tumores	31
4.3.2. Entrenamiento de modelo	35
4.3.3. Validación en test	35
4.4. Resultados: cáncer de colon-recto	35
4.5. Conclusiones	35
5. biomaRcadores: una aplicación web interactiva para detección de biomarcadores	37
5.1. Desarrollo de la aplicación	37
5.2. Utilidades de la aplicación	37
6. Conclusiones y líneas abiertas de trabajo	39
Bibliografía	40
Anexo I: Código de análisis en R	47
Anexo II: Código de aplicación web biomaRcadores	53

Abstract

Abstract en inglés

Resumen

Abstract en español.

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. 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, existiendo más de 100 tipos distintos de cáncer [2].

El cáncer es una enfermedad genética, esto es, causada por cambios en los genes que controlan las funciones celulares [2]. Aunque sea genética, en la mayoría de los casos el cáncer no se hereda [3]. 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 [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.

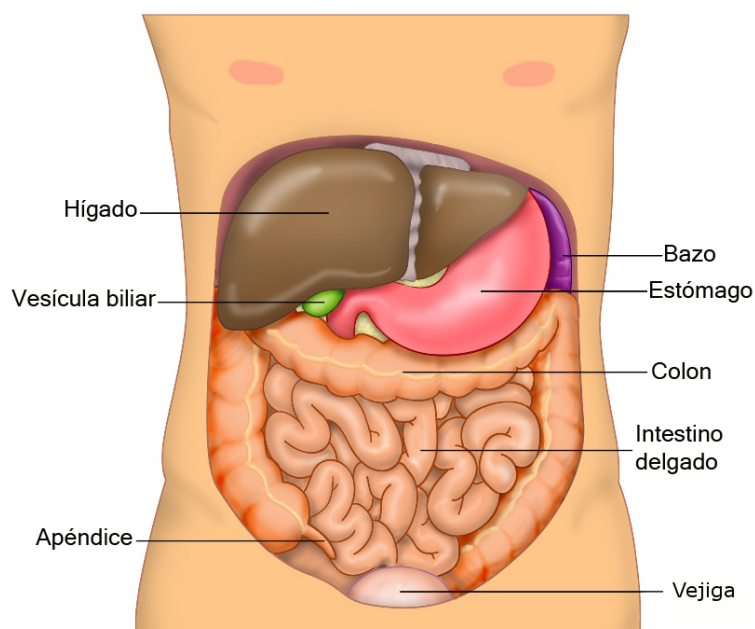
1.2.1. Cáncer de hígado

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].

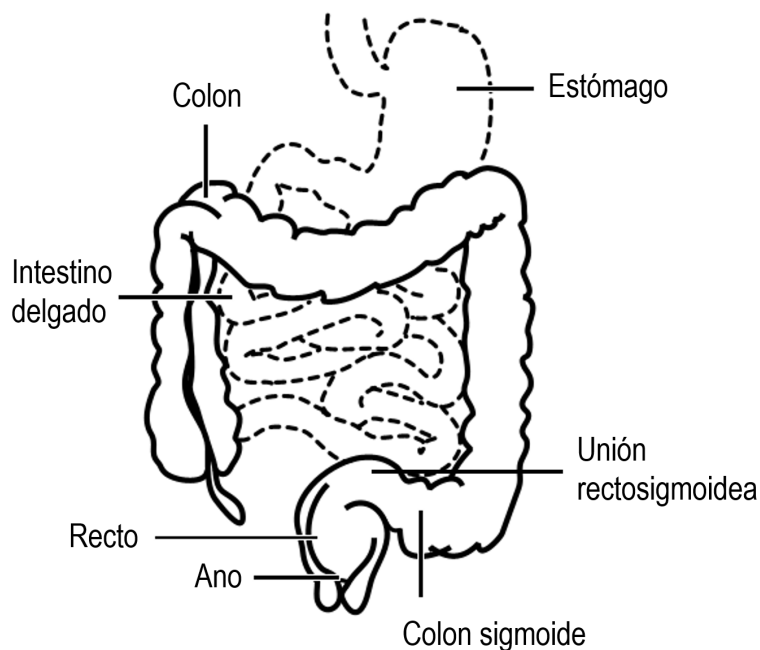
1.2.2. Cáncer de colon-recto

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. Ciencias -ómicas

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

1.3.1. Introducción a las ciencias 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 [3].

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 [3].

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 se enmarcan en el ámbito de la 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, esto es, si los genes están sobreexpresados o infraexpresados, para finalmente comparar esas expresiones con una referencia que suelen ser personas sanas. Como sólo se realizan cuentas de la expresión de los genes, el RNA-Seq de un individuo no permite su identificación, por lo que a menudo estos datos son accesibles de manera abierta.

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].

1.3.4. Otras ciencias -ómicas

Existen otras ciencias -ómicas, como la proteómica (estudio del proteoma, la imagen dinámica de todas las proteínas expresadas) o la metabolómica (estudio de metabolitos).

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 EURO CARE [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 ω_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 ω_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).

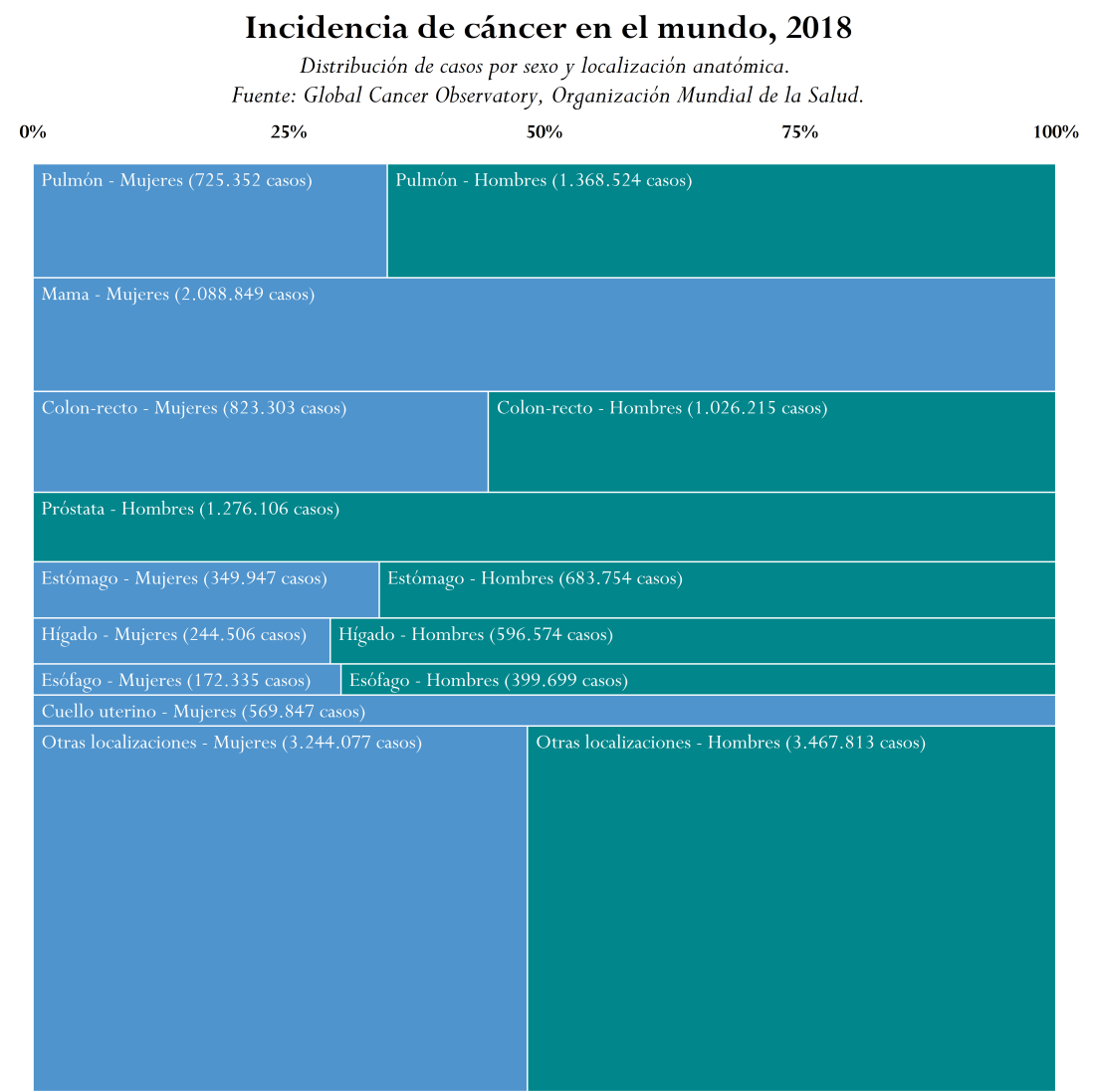
2.3.2. Incidencia del total del cáncer excepto piel no melanoma

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].



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 sexos 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 sexos, 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.

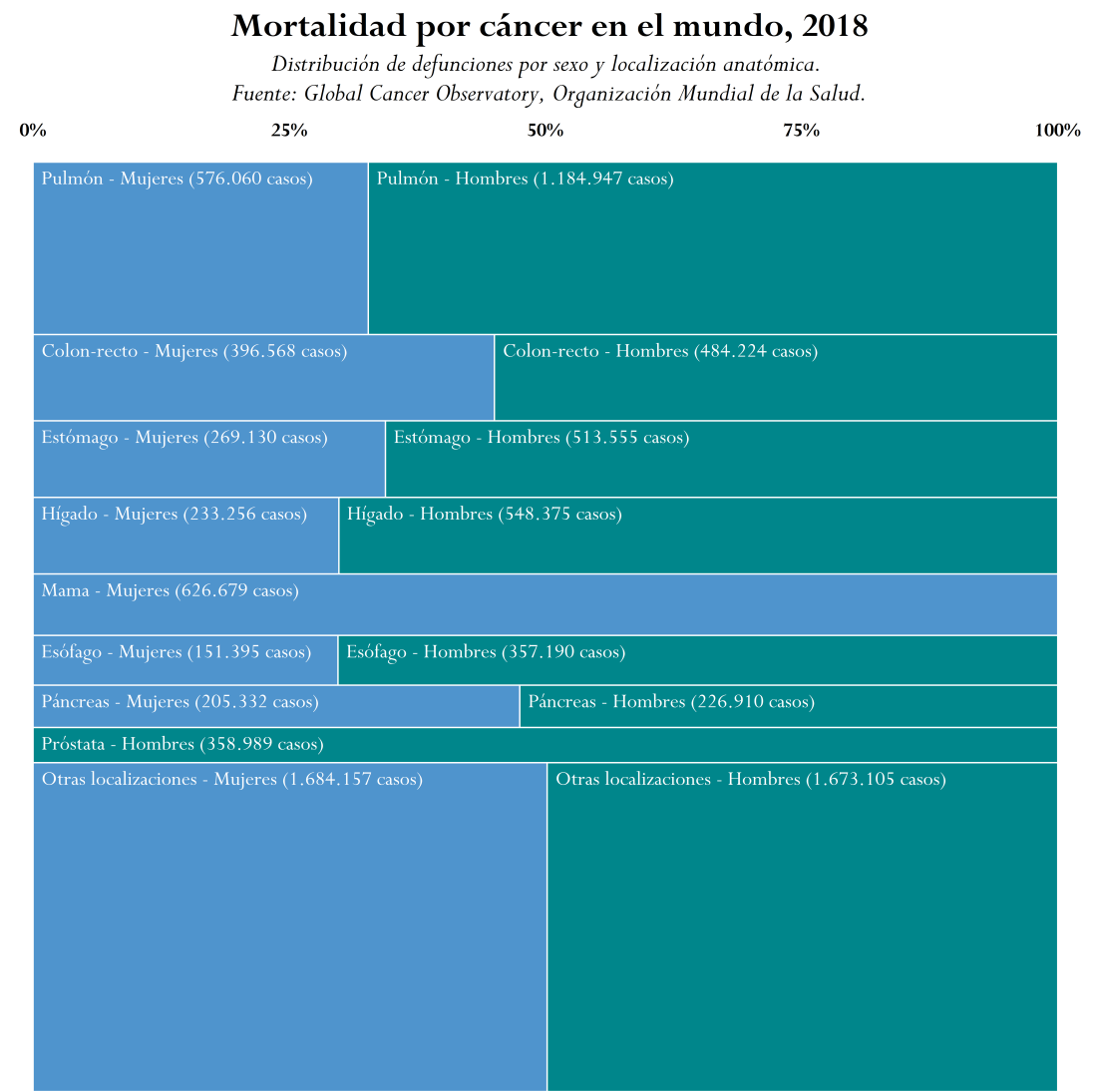
2.4.2. Mortalidad del total del cáncer excepto piel no melanoma

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].



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, EURO CARE (*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:

- Mejorar la capacidad predictiva de los modelos.
- 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 [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 mismo método de entrenamiento del modelo para seleccionar a la vez las características más relevantes. Un ejemplo de algoritmo de selección embebido puede ser el uso de máquinas de soporte vectorial (SVM).

- 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].

3.1.1. Mínima redundancia, máxima relevancia (mRMR)

Usado ampliamente en omics por [51, 52].

En R está implementado en `KnowSeq::featureSelection(mode = 'mrmmr')`, que a su vez utiliza `praznik::MRMR`.

3.1.2. *Random Forest* (RF)

En R está implementado en `KnowSeq::featureSelection(mode = 'rf')` que a su vez utiliza `randomForest::randomForest`.

3.1.3. Asociación de enfermedades (DA)

En R está implementado en `KnowSeq::featureSelection(mode = 'da')`, que utiliza la REST API de la plataforma Open Targets [53].

3.2. Algoritmos de clasificación

3.2.1. Máquinas de soporte vectorial (SVM)

3.2.2. *Random Forest* (RF)

3.2.3. k-vecinos más cercanos (kNN)

3.2.4. Medidas de evaluación: precisión (*accuracy*) y F1-Score

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

4.1. Objetivos

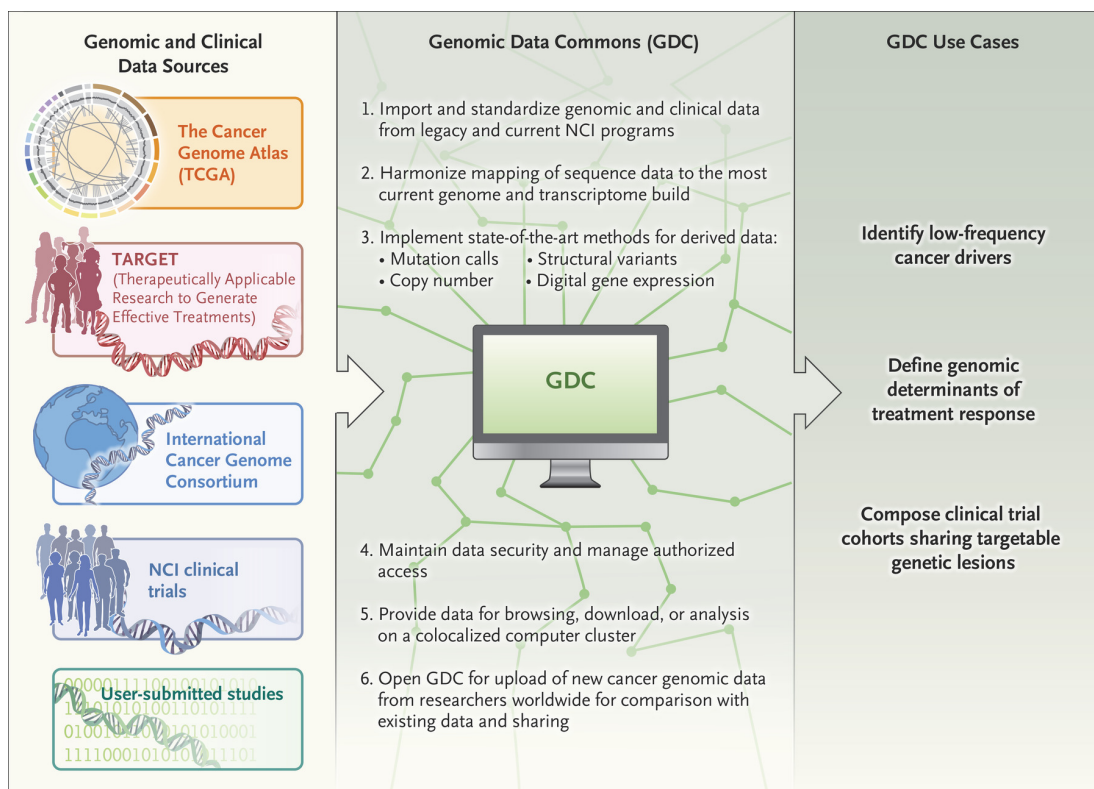
El objetivo general consiste en intentar predecir en base a pocos genes si una enfermedad padece o no cáncer de hígado, o cáncer de colon-recto. Para ello se usarán distintas técnicas de selección de características: mRMR, RF y DA, así como varios algoritmos de clasificación: SVM, RF y kNN.

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*) [54,55]. 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 [56].

Figura XX. Diagrama de funcionalidad y utilidad de GDC. Extraído de Grossman et al. [56].



GDC Portal, a día 22 de Junio, contenía información sobre unos 84.000 casos, 23.000 genes y más de 3 millones de mutaciones de genes [54]. Algunos de estos datos son abiertos, mientras que para otros es necesario solicitar acceso. Los datos de los que dispone son muy variados, y se pueden 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) [57].
- Contienen información sobre tumores o tejidos sanos de cáncer de hígado, o colon-recto. Se han excluido metástasis en hígado y tumores recurrentes.
- El tipo de estrategia experimental es RNA-Seq, y el tipo de flujo de trabajo es HTSeq - Counts.

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 %).

4.2.2. Análisis

Para el análisis se ha utilizado el software estadístico R [58] y el paquete KnowSeq (v.1.1.19) [59], librería que ha sido desarrollada por los tutores del presente trabajo, y en la que el autor ha contribuido con pequeñas actualizaciones. El paquete está además disponible en Bioconductor, la plataforma de código abierto en R más relevante para el análisis de datos de genómica y transcriptómica [60].

Para asegurar la reproducibilidad de los análisis, en el [Anexo I: Código de análisis en R](#) (caja 1) se muestran todos los paquetes utilizados y sus versiones, como resultado de ejecutar `devtools::session_info()`.

Todo el código de los análisis está disponible en el repositorio de GitHub del presente Trabajo Fin de Máster [61].

4.3. Resultados: cáncer de hígado

4.3.1. Características clínicas de los tumores

Para los casos de cáncer de hígado se ha descargado información clínica de GDC Portal. En la [Tabla X](#) se muestra la distribución de casos según algunas variables de interés. Los casos se recogieron entre los años 1995 y 2013, con el 67,6 % de los

CAPÍTULO 4. DETECCIÓN DE BIOMARCADORES EN CÁNCER DE 32 HÍGADO Y COLON-RECTO

casos recogidos entre los años 2010 y 2013. La mayoría de los casos son hombres (65,3 %) y están diagnosticados en estadios iniciales (70,3 % en estadios I y II). 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. Un 5,0 % de los casos son hispanos o latinos y más de la mitad 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 3 personas estaban vivas en el momento del último contacto realizado (63,6 %).

Tabla X. Características clínicas de los casos de cáncer de hígado. Distribución de casos y porcentaje según sexo, grupo de edad, estadio, etnia, raza y estado vital.

		Número de casos (Porcentaje)
Total		404 (100 %)
Sexo		
	Hombre	264 (65,3 %)
	Mujer	140 (34,7 %)
Grupo de edad		
	0-40 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 %)
	81 años o más	16 (4,0 %)
	Desconocido	4 (1,0 %)
Estadio		
	Estadio I	189 (46,8 %)
	Estadio II	95 (23,5 %)
	Estadio III	82 (20,3 %)
	Estadio IV	7 (1,7 %)
	Desconocido	31 (7,7 %)
Etnia		
	Hispano o latino	20 (5,0 %)
	No hispano ni latino	365 (90,3 %)
	Desconocido	19 (4,7 %)
Raza		
	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 %)
Estado vital		
	Vivo	257 (63,6 %)
	Muerto	146 (36,1 %)
	Desconocido	1 (0,2 %)

En la [Tabla X](#) se muestran tablas de contingencia del estado vital según sexo, grupo de edad y estadio. Se han realizado pruebas de χ^2 [62] para evaluar

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

la independencia o no del estado vital con respecto a las distintas variables, aplicando la corrección de Yates [63] cuando fue necesario. El código completo del análisis se muestra en el repositorio de GitHub asociado al trabajo (archivo Analisis.higado\03.analisis.datos.clinicos.R) [61].

Tabla X. Características clínicas de los casos de cáncer de hígado. Distribución de casos y porcentaje según sexo, grupo de edad, estadio, etnia, raza y estado vital.

		Vivos	Muertos	p-valor χ^2
Número de casos		257	146	
Sexo				0,033
	Hombre	178 (67,7 %)	85 (32,3 %)	
	Mujer	79 (83,2 %)	16 (16,8 %)	
Grupo de edad				0,018
	0-40 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 %)	
	81 años o más	5 (31,3 %)	11 (68,8 %)	
Estadio				<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 %)	

DESCRIBIR LA TABLA

Para grupo de edad y estadio, variables para las que había datos desconocidos, se ha realizado un análisis de casos completos (exclusión del análisis de los casos con tenían datos faltantes). Se detecta una dependencia entre todas las variables consideradas (sexo, grupo de edad y estadio) y el estado vital, con p-valores ¡0,05 en todos los casos.

4.3.2. Entrenamiento de modelo

4.3.3. Validación en test

4.4. Resultados: cáncer de colon-recto

Completar una vez esté depurado el análisis de cáncer de hígado

4.5. Conclusiones

Interpretar resultados con cautela: ver pág. 65 de [64] (referencias 77-79).

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

5.1. Desarrollo de la aplicación

[Shiny](#), [versión](#), [documentación breve sobre Shiny](#), ... y [código en anexo 2](#)

En el [Anexo II: Código de aplicación web biomaRcadores](#) se muestra el código de R desarrollado para la aplicación web.

5.2. Utilidades de la aplicación

[Capturas de pantalla con ejemplos](#). Quizá grabar vídeo mostrando la aplicación ([subir GIF a README](#)).

6. Conclusiones y líneas abiertas de trabajo

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] Benjamin A Pierce. *Genética: Un enfoque conceptual*. Editorial Médica Panamericana, 3^a edition, 2010.
- [4] Lucia Migliore and Fabio Coppedè. Genetic and environmental factors in cancer pathogenesis. *Mutation Research*, 512:135–153, 2012.
- [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. Coglianò, R. Baan, K. Straif, Y. Grosse, B. Lauby-Secretan, F. El Ghis-sassi, 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 [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 Nennecke, Sabine Siesling, Franco Berrino, and Riccardo Capocaccia. Cancer survival in Europe 1999–2007 by country and age: results of EURO CARE-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 [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 [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 Muzik, 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] 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.
- [52] 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.
- [53] Open Targets. Target Validation: Open Targets Platform. Disponible en: <https://www.targetvalidation.org> [Consultado 07/07/2020].

-
- [54] National Cancer Institute and National Institutes of Health. GDC Portal. Disponible en: <https://portal.gdc.cancer.gov/> [Consultado 22/06/2020].
- [55] National Cancer Institute. National Cancer Institute. Disponible en: <https://www.cancer.gov> [Consultado 22/06/2020].
- [56] 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.
- [57] 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].
- [58] R Core Team. R: A Language and Environment for Statistical Computing, 2020.
- [59] 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.
- [60] 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.
- [61] Daniel Redondo-Sánchez. Repositorio GitHub: Epidemiología y detección de biomarcadores en cáncer. Disponible en: https://github.com/danielredondo/TFM_ciencia_de_datos.
- [62] Karl Pearson. χ . 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.
- [63] F. Yates. Contingency Tables Involving Small Numbers and the χ^2 Test. *Supplement to the Journal of the Royal Statistical Society*, 1(2):217, 1934.
- [64] Daniel Castillo Secilla. *Integration of heterogeneous gene expression sources in human cancer pathologies, employing high performance computing and machine learning techniques*. PhD thesis, 2020.

Anexo I: Código de análisis en R

Anexo I: Código de análisis en R

Información sobre la sesión en R: paquetes y versiones

Caja 1. Resultado de `devtools::session_info()` tras realizar los análisis.

```

1 - Session info -----
2 setting      value
3 version      R version 4.0.1 (2020-06-06)
4 os           macOS Catalina 10.15.4
5 system       x86_64, darwin17.0
6 ui           RStudio
7 language     (EN)
8 collate      en_US.UTF-8
9 ctype        en_US.UTF-8
10 tz           Europe/Madrid
11 date        2020-07-05
12
13 - Packages -----
14 package      * version      date          lib source
15 acepack       1.4.1        2016-10-29 [1] CRAN (R 4.0.0)
16 annotate      1.66.0       2020-04-28 [1] Bioconductor
17 AnnotationDbi 1.50.1       2020-06-29 [1] Bioconductor
18 assertthat   0.2.1       2019-03-21 [1] CRAN (R 4.0.0)
19 audio        0.1-7       2020-03-09 [1] CRAN (R 4.0.0)
20 backports    1.1.8       2020-06-17 [1] CRAN (R 4.0.0)
21 base64enc    0.1-3       2015-07-28 [1] CRAN (R 4.0.0)
22 beeper       * 1.3         2018-06-04 [1] CRAN (R 4.0.0)
23 Biobase      2.48.0      2020-04-27 [1] Bioconductor
24 BiocGenerics 0.34.0      2020-04-27 [1] Bioconductor
25 BiocManager  * 1.30.10    2019-11-16 [1] CRAN (R 4.0.0)
26 BiocParallel 1.22.0      2020-04-27 [1] Bioconductor
27 Biostrings   2.56.0      2020-04-27 [1] Bioconductor
28 bit          1.1-15.2    2020-02-10 [1] CRAN (R 4.0.0)
29 bit64        0.9-7       2017-05-08 [1] CRAN (R 4.0.0)
30 bitops       1.0-6       2013-08-17 [1] CRAN (R 4.0.0)
31 blob         1.2.1       2020-01-20 [1] CRAN (R 4.0.0)
32 callr        3.4.3       2020-03-28 [1] CRAN (R 4.0.0)
33 caret        * 6.0-86     2020-03-20 [1] CRAN (R 4.0.0)
34 caTools      1.18.0      2020-01-17 [1] CRAN (R 4.0.0)
35 checkmate    2.0.0       2020-02-06 [1] CRAN (R 4.0.0)
36 class        7.3-17      2020-04-26 [1] CRAN (R 4.0.1)
37 cli          2.0.2       2020-02-28 [1] CRAN (R 4.0.0)
38 cluster      2.1.0       2019-06-19 [1] CRAN (R 4.0.1)

```

39	codetools	0.2-16	2018-12-24	[1]	CRAN (R 4.0.1)
40	colorspace	1.4-1	2019-03-18	[1]	CRAN (R 4.0.0)
41	cqn	* 1.34.0	2020-04-27	[1]	Bioconductor
42	crayon	1.3.4	2017-09-16	[1]	CRAN (R 4.0.0)
43	curl	4.3	2019-12-02	[1]	CRAN (R 4.0.0)
44	data.table	1.12.8	2019-12-09	[1]	CRAN (R 4.0.0)
45	DBI	1.1.0	2019-12-15	[1]	CRAN (R 4.0.0)
46	desc	1.2.0	2018-05-01	[1]	CRAN (R 4.0.0)
47	devtools	2.3.0	2020-04-10	[1]	CRAN (R 4.0.0)
48	digest	0.6.25	2020-02-23	[1]	CRAN (R 4.0.0)
49	dplyr	* 1.0.0	2020-05-29	[1]	CRAN (R 4.0.0)
50	e1071	* 1.7-3	2019-11-26	[1]	CRAN (R 4.0.0)
51	edgeR	3.30.3	2020-06-02	[1]	Bioconductor
52	ellipsis	0.3.1	2020-05-15	[1]	CRAN (R 4.0.0)
53	evaluate	0.14	2019-05-28	[1]	CRAN (R 4.0.0)
54	fansi	0.4.1	2020-01-08	[1]	CRAN (R 4.0.0)
55	farver	2.0.3	2020-01-16	[1]	CRAN (R 4.0.0)
56	foreach	1.5.0	2020-03-30	[1]	CRAN (R 4.0.0)
57	foreign	0.8-80	2020-05-24	[1]	CRAN (R 4.0.1)
58	Formula	1.2-3	2018-05-03	[1]	CRAN (R 4.0.0)
59	fs	1.4.2	2020-06-30	[1]	CRAN (R 4.0.1)
60	gdata	2.18.0	2017-06-06	[1]	CRAN (R 4.0.0)
61	genefilter	1.70.0	2020-04-27	[1]	Bioconductor
62	generics	0.0.2	2018-11-29	[1]	CRAN (R 4.0.0)
63	ggalluvial	* 0.11.3	2020-04-16	[1]	CRAN (R 4.0.0)
64	ggplot2	* 3.3.2	2020-06-19	[1]	CRAN (R 4.0.0)
65	glue	1.4.1	2020-05-13	[1]	CRAN (R 4.0.0)
66	gower	0.2.2	2020-06-23	[1]	CRAN (R 4.0.0)
67	gplots	* 3.0.3	2020-02-25	[1]	CRAN (R 4.0.0)
68	graph	1.66.0	2020-04-27	[1]	Bioconductor
69	gridExtra	2.3	2017-09-09	[1]	CRAN (R 4.0.0)
70	gtable	0.3.0	2019-03-25	[1]	CRAN (R 4.0.0)
71	gtools	3.8.2	2020-03-31	[1]	CRAN (R 4.0.0)
72	Hmisc	4.4-0	2020-03-23	[1]	CRAN (R 4.0.0)
73	htmlTable	2.0.0	2020-06-21	[1]	CRAN (R 4.0.0)
74	htmltools	0.5.0	2020-06-16	[1]	CRAN (R 4.0.0)
75	htmlwidgets	1.5.1	2019-10-08	[1]	CRAN (R 4.0.0)
76	httr	1.4.1	2019-08-05	[1]	CRAN (R 4.0.0)
77	ipred	0.9-9	2019-04-28	[1]	CRAN (R 4.0.0)
78	IRanges	2.22.2	2020-05-21	[1]	Bioconductor
79	iterators	1.0.12	2019-07-26	[1]	CRAN (R 4.0.0)
80	jpeg	0.1-8.1	2019-10-24	[1]	CRAN (R 4.0.0)
81	jsonlite	1.7.0	2020-06-25	[1]	CRAN (R 4.0.0)

82	KEGGgraph	1.48.0	2020-04-27	[1]	Bioconductor
83	KEGGREST	1.28.0	2020-04-27	[1]	Bioconductor
84	kernlab	0.9-29	2019-11-12	[1]	CRAN (R 4.0.0)
85	KernSmooth	2.23-17	2020-04-26	[1]	CRAN (R 4.0.1)
86	knitr	1.29	2020-06-23	[1]	CRAN (R 4.0.0)
87	KnowSeq	* 1.1.29	2020-07-02	[1]	Github (casedugr/ KnowSeq@890ca6e)
88	labeling	0.3	2014-08-23	[1]	CRAN (R 4.0.0)
89	lattice	* 0.20-41	2020-04-02	[1]	CRAN (R 4.0.1)
90	latticeExtra	0.6-29	2019-12-19	[1]	CRAN (R 4.0.0)
91	lava	1.6.7	2020-03-05	[1]	CRAN (R 4.0.0)
92	lifecycle	0.2.0	2020-03-06	[1]	CRAN (R 4.0.0)
93	limma	3.44.3	2020-06-12	[1]	Bioconductor
94	locfit	1.5-9.4	2020-03-25	[1]	CRAN (R 4.0.0)
95	lubridate	1.7.9	2020-06-08	[1]	CRAN (R 4.0.1)
96	magrittr	1.5	2014-11-22	[1]	CRAN (R 4.0.0)
97	MASS	7.3-51.6	2020-04-26	[1]	CRAN (R 4.0.1)
98	Matrix	1.2-18	2019-11-27	[1]	CRAN (R 4.0.1)
99	MatrixModels	0.4-1	2015-08-22	[1]	CRAN (R 4.0.0)
100	matrixStats	0.56.0	2020-03-13	[1]	CRAN (R 4.0.0)
101	mclust	* 5.4.6	2020-04-11	[1]	CRAN (R 4.0.0)
102	memoise	1.1.0	2017-04-21	[1]	CRAN (R 4.0.0)
103	mgcv	1.8-31	2019-11-09	[1]	CRAN (R 4.0.1)
104	ModelMetrics	1.2.2.2	2020-03-17	[1]	CRAN (R 4.0.0)
105	multtest	2.44.0	2020-04-27	[1]	Bioconductor
106	munsell	0.5.0	2018-06-12	[1]	CRAN (R 4.0.0)
107	nlme	3.1-148	2020-05-24	[1]	CRAN (R 4.0.1)
108	nnet	7.3-14	2020-04-26	[1]	CRAN (R 4.0.1)
109	norimix	* 1.3-0	2019-06-13	[1]	CRAN (R 4.0.0)
110	pathview	1.28.0	2020-04-27	[1]	Bioconductor
111	pillar	1.4.4	2020-05-05	[1]	CRAN (R 4.0.0)
112	pkgbuild	1.0.8	2020-05-07	[1]	CRAN (R 4.0.0)
113	pkgconfig	2.0.3	2019-09-22	[1]	CRAN (R 4.0.0)
114	pkgload	1.1.0	2020-05-29	[1]	CRAN (R 4.0.0)
115	plyr	1.8.6	2020-03-03	[1]	CRAN (R 4.0.0)
116	png	0.1-7	2013-12-03	[1]	CRAN (R 4.0.0)
117	praznik	8.0.0	2020-02-29	[1]	CRAN (R 4.0.0)
118	preprocessCore	* 1.50.0	2020-04-27	[1]	Bioconductor
119	prettyunits	1.1.1	2020-01-24	[1]	CRAN (R 4.0.0)
120	pROC	1.16.2	2020-03-19	[1]	CRAN (R 4.0.0)
121	processx	3.4.2	2020-02-09	[1]	CRAN (R 4.0.0)
122	prodlm	2019.11.13	2019-11-17	[1]	CRAN (R 4.0.0)
123	ps	1.3.3	2020-05-08	[1]	CRAN (R 4.0.0)

124	purrr	0.3.4	2020-04-17	[1]	CRAN (R 4.0.0)
125	quantreg	* 5.55	2020-04-01	[1]	CRAN (R 4.0.0)
126	R.methodsS3	1.8.0	2020-02-14	[1]	CRAN (R 4.0.0)
127	R.oo	1.23.0	2019-11-03	[1]	CRAN (R 4.0.0)
128	R.utils	2.9.2	2019-12-08	[1]	CRAN (R 4.0.0)
129	R6	2.4.1	2019-11-12	[1]	CRAN (R 4.0.0)
130	randomForest	4.6-14	2018-03-25	[1]	CRAN (R 4.0.0)
131	RColorBrewer	1.1-2	2014-12-07	[1]	CRAN (R 4.0.0)
132	Rcpp	1.0.4.6	2020-04-09	[1]	CRAN (R 4.0.0)
133	RCurl	1.98-1.2	2020-04-18	[1]	CRAN (R 4.0.0)
134	recipes	0.1.13	2020-06-23	[1]	CRAN (R 4.0.0)
135	remotes	2.1.1	2020-02-15	[1]	CRAN (R 4.0.0)
136	reshape2	* 1.4.4	2020-04-09	[1]	CRAN (R 4.0.0)
137	Rgraphviz	2.32.0	2020-04-27	[1]	Bioconductor
138	rlang	0.4.6	2020-05-02	[1]	CRAN (R 4.0.0)
139	rlist	0.4.6.1	2016-04-04	[1]	CRAN (R 4.0.0)
140	rmarkdown	2.3	2020-06-18	[1]	CRAN (R 4.0.0)
141	rpart	4.1-15	2019-04-12	[1]	CRAN (R 4.0.1)
142	rprojroot	1.3-2	2018-01-03	[1]	CRAN (R 4.0.0)
143	RSQLite	2.2.0	2020-01-07	[1]	CRAN (R 4.0.0)
144	rstudioapi	0.11	2020-02-07	[1]	CRAN (R 4.0.0)
145	S4Vectors	0.26.1	2020-05-16	[1]	Bioconductor
146	scales	1.1.1	2020-05-11	[1]	CRAN (R 4.0.0)
147	sessioninfo	1.1.1	2018-11-05	[1]	CRAN (R 4.0.0)
148	SparseM	* 1.78	2019-12-13	[1]	CRAN (R 4.0.0)
149	stringi	1.4.6	2020-02-17	[1]	CRAN (R 4.0.0)
150	stringr	1.4.0	2019-02-10	[1]	CRAN (R 4.0.0)
151	survival	3.2-3	2020-06-13	[1]	CRAN (R 4.0.0)
152	sva	3.36.0	2020-04-27	[1]	Bioconductor
153	testthat	2.3.2	2020-03-02	[1]	CRAN (R 4.0.0)
154	tibble	3.0.1	2020-04-20	[1]	CRAN (R 4.0.0)
155	tictoc	* 1.0	2014-06-17	[1]	CRAN (R 4.0.0)
156	tidyr	1.1.0	2020-05-20	[1]	CRAN (R 4.0.0)
157	tidyselect	1.1.0	2020-05-11	[1]	CRAN (R 4.0.0)
158	timeDate	3043.102	2018-02-21	[1]	CRAN (R 4.0.0)
159	usethis	1.6.1	2020-04-29	[1]	CRAN (R 4.0.0)
160	vctrs	0.3.1	2020-06-05	[1]	CRAN (R 4.0.1)
161	viridisLite	0.3.0	2018-02-01	[1]	CRAN (R 4.0.0)
162	withr	2.2.0	2020-04-20	[1]	CRAN (R 4.0.0)
163	xfun	0.15	2020-06-21	[1]	CRAN (R 4.0.0)
164	XML	3.99-0.3	2020-01-20	[1]	CRAN (R 4.0.0)
165	xtable	1.8-4	2019-04-21	[1]	CRAN (R 4.0.0)
166	XVector	0.28.0	2020-04-27	[1]	Bioconductor

```
167 zlibbioc          1.34.0      2020-04-27 [1] Bioconductor
168
169 [1] /Library/Frameworks/R.framework/Versions/4.0/Resources/
    library
```

Análisis para cáncer de hígado

Caja XX. Código en R del análisis realizado para cáncer de hígado.

```
1 # Ejemplo de comentario
2 parametro <- 24000
3
4 texto <- "texto"
```

Anexo II: Código de aplicación web biomaRcadores

Anexo II: Código de aplicación web biomaRcadores

Caja 1. Código en R de la aplicación web biomaRcadores.

```
1 # Carga de paquetes
2 library(shiny)
3 library(shinydashboard)
4 library(dplyr)
5 library(KnowSeq)
6 library(reshape2)
7 library(caret)
8 library(ggplot2)
9 library(ggalluvial)
10
11 source("www/dataPlot.R")
12
13 ui <- dashboardPage(
14   ## Tema
15   skin = "black",
16   ## Cabecera
17   dashboardHeader(title = "biomaRcadores", titleWidth = 350
18     ),
19   ## Barra lateral
20   dashboardSidebar(
21     sidebarMenu(
22       menuItem("Introducción", tabName = "intro", icon = icon("
23         file-alt")),
24       menuItem("Carga de datos", tabName = "datos", icon = icon("
25         database")),
26       menuItem("Selección de genes", tabName = "genes", icon =
27         icon("dna")),
28       menuItem("Entrenamiento de modelos", tabName = "
29         entrenamiento", icon = icon("play")),
30       menuItem("Validación de modelos", tabName = "validacion",
31         icon = icon("check-circle")),
32       menuItem("Autor", tabName = "autor", icon = icon("id-card")
33         ),
34       menuItem("Código", tabName = "codigo", icon = icon("code"))
35     )
36   ),
37   ## Cuerpo
38   dashboardBody(
39     tabItems(
40       # Tab 1
```

```

35     tabItem(tabName = "intro",
36             h2("Introducción App + abstract TFM"),
37
38             h4(tags$b("Introducción")),
39             "Texto",
40             h4(tags$b("Métodos")),
41             "Texto",
42             h4(tags$b("Resultados")),
43             "Texto",
44             h4(tags$b("Conclusiones")),
45             "Texto",
46
47             h4(tags$b("Sobre esta aplicación")),
48             "Texto",
49             # Parte final
50             br(), br(), br(),
51             fluidRow(column(6, tags$img(src = "ugr.png", height
52                               = "150px")),
53                      column(6, tags$img(src = "knowseq.png",
54                                          height = "150px")))
55
56     ),
57
58     # Tab 2
59     tabItem(tabName = "datos",
60             h2("Carga de datos"),
61             fileInput(inputId = "archivo_rdata",
62                      label = "Seleccione el archivo .RData a
63                          importar",
64                          buttonLabel = "Examinar...",
65                          accept = ".RData",
66                          placeholder = "No se ha seleccionado ning
67                          ún archivo",
68                          width = "50%"),
69
70             ),
71
72             actionBar(inputId = "boton_importar",
73                      label = "Importar archivo",
74                      icon = icon("fas fa-file-import", lib
75                                = "font-awesome"),
76                      width = "50%"),
77
78             br(),

```

```

73         tableOutput("tabla1"),
74
75         h2("Partición entrenamiento-test"),
76
77         sliderInput("porcentaje_entrenamiento",
78                     label = "Porcentaje entrenamiento (%)",
79                     value = 75, min = 5, max = 95, step =
80                         5,
81                     width = "50%",
82                     ),
83         plotOutput("sankey", width = "75%")
84     ),
85
86     # Tab 3
87     tabItem(tabName = "genes",
88             h2("Selección de genes"),
89             sliderInput(inputId = "numero_genes", label = "
90                 Selecciona el número de genes relevantes", value
91                     = 20, min = 0, max = 50, step = 1),
92             "Se muestran a continuación los mejores genes
93                 seleccionados por cada método de selección de
94                 características.",
95             br(),
96             tags$i("Puede tardar unos segundos en actualizarse.
97                 "),
98             fluidRow(
99                 column(4, h4(tags$b("MRMR"))), tableOutput("
100                     genes_mrmr")),
101                 column(4, h4(tags$b("RF"))), tableOutput("genes_
102                     rf")),
103                 column(4, h4(tags$b("DA"))), tableOutput("genes_
104                     da")),
105             ),
106
107             br(),
108
109             h2("Enfermedades relacionadas")
110     ),
111
112     # Tab 4
113     tabItem(tabName = "entrenamiento",

```



```

107     h2("Entrenamiento de modelos"),
108
109     # Elegir MRMR/RF/DA, se muestra MRMR por ahora
110     selectInput("tipo_entrenamiento",
111                 label = "Tipo de selección de genes",
112                 choices = c("mRMR", "rf", "da"),
113                 selected = "mRMR",
114                 width = "50%"),
115
116     # Se puede añadir número de CV que se hacen
117     selectInput("numero_folds",
118                 label = "Número de folds",
119                 choices = c(3, 5, 10),
120                 selected = 5,
121                 width = "50%"),
122
123     tableOutput("mejores_parametros"),
124
125     plotOutput("resultados_entrenamiento")
126
127     # Falta añadir el F1-score y decir cuál es el mejor
128     # método
129
130 ),
131 # Tab 5
132 tabItem(tabName = "validacion",
133         h2("Validación de modelos")
134 ),
135 # Tab 6
136 tabItem(tabName = "autor",
137         h2("Autor")
138 ),
139 # Tab 7
140 tabItem(tabName = "codigo",
141         h2("Código")
142 )
143 ) # Final tabs
144 ) # Final dashboard body
145 ) # Final dashboard page
146
147 # Ampliar tamaño de .RData a 15MB en lugar de los 5MB por defecto
148 options(shiny.maxRequestSize = 15*1024^2)

```

```

149
150 server <- function(input, output){
151
152   observeEvent(input$boton_importar, {
153
154     # Si se ha seleccionado un fichero, se importa
155     load(input$archivo_rdata$datapath)
156     # Extraer labels
157     labels <- matriz[1, ] %>% as.vector
158     # Extraer matriz
159     DEGsMatrix <- matriz[2:nrow(matriz), ]
160     filas <- rownames(DEGsMatrix)
161     DEGsMatrix <- apply(DEGsMatrix, 2, as.numeric)
162     rownames(DEGsMatrix) <- filas
163     # Crear DEGsMatrixML
164     DEGsMatrixML <- t(DEGsMatrix)
165
166     # Parámetros generales
167
168     # Partición 75% / 25% con balanceo de clase
169     set.seed(1991)
170     indices <- reactive(createDataPartition(labels, p = input$
171       porcentaje_entrenamiento / 100, list = FALSE))
172     particion <- reactive(list(training = DEGsMatrixML[indices(),
173       ], test = DEGsMatrixML[-indices(), ]))
174
175     # Conjuntos
176     particion.entrenamiento <- reactive(particion()$training)
177     particion.test <- reactive(particion()$test)
178
179     # Etiquetas
180     labels_train <- reactive(labels[indices()])
181     labels_test <- reactive(labels[-indices()])
182
183     # Se muestra la tabla
184     output$tabla1 <- renderTable({
185       if(is.null(input$archivo_rdata))
186         return(NULL)
187
188     # Mensaje de OK
189     showModal(modalDialog(
190       h3(icon("check-circle", lib = "font-awesome", class = "fa
191         -1x"),

```

```

189         " El archivo se ha importado correctamente"),
190         easyClose = TRUE,
191         footer = NULL
192     ))
193
194     tabla_aux <- as.data.frame(table(labels)) %>% rename(
195         Etiqueta = labels, Frecuencia = Freq)
196     return(tabla_aux)
197 })
198
199 output$sankey <- renderPlot({
200     if(is.null(input$archivo_rdata))
201         return(NULL)
202
203     # Número de casos
204     # Train
205     #table(labels_train)
206     entr_tum <- table(labels_train())[1]
207     entr_san <- table(labels_train())[2]
208
209     # Test
210     #table(labels_test)
211     test_tum <- table(labels_test())[1]
212     test_san <- table(labels_test())[2]
213     # Total
214     #table(labels)
215
216     # Verificar balanceo de clase en entrenamiento y test
217     # Train
218     #labels_train %>% table %>% prop.table %>% round(3) * 100
219     # Test
220     #labels_test %>% table %>% prop.table %>% round(3) * 100
221     # Total
222     #labels %>% table %>% prop.table %>% round(3) * 100
223
224     # Diagrama de Sankey
225     datos_sankey <- data.frame(tipo = c(paste0("Tumor\n", entr_
        tum + test_tum, " casos"), paste0("Tumor\n", entr_tum +
        test_tum, " casos"),
        paste0("Tejido normal\n",
            entr_san + test_san,
            " casos"), paste0("
            Tejido normal\n", entr

```

```

                _san + test_san, "
                casos")),
226         traintest = c("Entrenamiento", "
                Test", "Entrenamiento", "Test")
                ,
227         value = c(entr_tum, test_tum, entr
                _san, test_san))
228
229 # Pequeño reordenen para que mejorar la presentación de los
        datos
230 datos_sankey$tipo <- factor(datos_sankey$tipo,
231                             levels = c(paste0("Tumor\n", entr
                _tum + test_tum, " casos"),
                paste0("Tejido normal\n", entr
                _san + test_san, " casos")),
232                             ordered = T)
233
234 print(datos_sankey)
235
236 ggplot(data = datos_sankey,
237         aes(axis1 = tipo, axis2 = traintest, y = value)) +
238     scale_x_discrete(limits = c("Tipo de muestra", "
        Entrenamiento-test"),
239                     expand = c(.1, .05)) +
240     ylab("") +
241     geom_alluvium(col = "black", alpha = 1) +
242     geom_alluvium(aes(fill = tipo), alpha = .6, show.legend =
        FALSE) +
243     geom_stratum() +
244     geom_text(stat = "stratum", infer.label = TRUE, cex = 3) +
245     theme_minimal() +
246     ggtitle("Partición en conjuntos de entrenamiento y test",
247             paste0("Reparto ", input$porcentaje_entrenamiento,
                "% - ", 100 - input$porcentaje_entrenamiento, "%
                con balanceo de clases")) +
248     theme(plot.title = element_text(hjust = .5),
249           plot.subtitle = element_text(hjust = .5),
250           axis.text = element_text(color = "black", margin =
                margin(t = -30), size = 12),
251           axis.text.y = element_blank(),
252           axis.ticks = element_blank(),
253           panel.grid = element_blank())
254 })

```

```
255
256
257 # Esto se puede mejorar para que calcule los mejores 50 genes y
    luego sólo tenga que hacer un subset de esa tabla
258 # seleccionando sólo los primeros X elementos, para que
    reaccione antes la aplicación web.
259
260 output$genes_mrmr <- renderTable({
261   # Método mRMR (mínima redundancia, máxima relevancia)
262   mrmrRanking <- featureSelection(particion.entrenamiento(),
    labels_train(), colnames(particion.entrenamiento()),
    mode = "mrmr")
263
264   mrmrRanking <- names(mrmrRanking)[1:input$numero_genes]
265
266   return(mrmrRanking)
267 }, colnames = FALSE)
268
269
270 output$genes_rf <- renderTable({
271   # Método random forest
272   rfRanking <- featureSelection(particion.entrenamiento(),
    labels_train(), colnames(particion.entrenamiento()),
    mode = "rf")
273
274   rfRanking <- rfRanking[1:input$numero_genes]
275
276   return(rfRanking)
277 }, colnames = FALSE)
278
279 output$genes_da <- renderTable({
280   daRanking <- featureSelection(particion.entrenamiento(),
    labels_train(), colnames(particion.entrenamiento()),
    mode = "da", disease = "liver
    cancer")
281
282   daRanking <- names(daRanking)[1:input$numero_genes]
283
284   return(daRanking)
285 }, colnames = FALSE)
286
287
288 # Método mRMR (mínima redundancia, máxima relevancia)
289 mrmrRanking <- reactive({
290   aux <- featureSelection(particion.entrenamiento(), labels_
    train(), colnames(particion.entrenamiento()),
```

```

291         mode = "mrmr")
292     return(names(aux)[1:input$numero_genes])
293 })
294
295
296 results_cv <- reactive({
297     # Reestructurar para no calcular dos veces mrmrranking!
298
299     svm_CV(particion.entrenamiento(), labels_train(), mrmrRanking
300         (),
301         numFold = as.numeric(input$numero_folds))
302 })
303
304 output$mejores_parametros <- renderTable({
305     as.data.frame(results_cv()$bestParameters)
306     }, rownames = TRUE)
307
308 output$resultados_entrenamiento <- renderPlot({
309
310     # Quizá mejor con F1
311     dataPlot(results_cv()$accMatrix[, 1:12], colours = rainbow(as
312         .numeric(input$numero_folds)),
313         mode = "classResults",
314         main = "mRMR - Accuracy for each fold",
315         xlab = "Genes",
316         ylab = "Accuracy")
317 })
318 }) # Cierre botón import
319
320 set.seed(122)
321 histdata <- rnorm(500)
322
323 output$plot1 <- renderPlot({
324     data <- histdata[seq_len(input$slider)]
325     hist(data)
326 })
327
328 }
329
330 shinyApp(ui, server)

```