

Métodos de Processamento Computacional para Análises de Imagens de Espectroscopia no Infravermelho(micro-FTIR) para Distinção entre Tumores de Mama HER2 Positivos e Negativos Radiomarcados com Tecnécio-99m.

**Carlos Henrique Camillo da Silva e Maria Denise Zezell
Instituto de Pesquisas Energéticas e Nucleares - IPEN**

INTRODUÇÃO

O câncer de mama é o tipo mais comum de câncer entre as mulheres do país e do mundo, após o câncer de pele não melanoma. As estatísticas também indicam o aumento da incidência de câncer de mama, tanto nos países desenvolvidos quanto nos subdesenvolvidos.

A principal forma de avaliação é o estudo in vivo e in vitro de linhas celulares de câncer de mama que têm sido amplamente utilizadas para modelagem de câncer de mama. Apesar de se saber que as linhas celulares de câncer de mama adquirem mutações durante a formação inicial e após uma série de cultivos, as linhas celulares contribuem com materiais homogêneos para estudos de tumores e são bastante simples de cultivar. Portanto, é necessário procurar um tratamento mais preciso e sofisticado, baseado na análise de linhas celulares de câncer de mama. Um método promissor é a espectroscopia de infravermelho por transformada de Fourier (FTIR), que é uma técnica que mostrou grande potencial como complemento aos métodos atuais.

OBJETIVO

Como a técnica de FTIR fornece uma grande diversidade de dados, esta parte do projeto do Laboratório de Biofotônica tem como objetivo aplicar métodos estatísticos multivariados para facilitar o tratamento dos dados obtidos. Foram criados scripts/rotinas em linguagens de programação de código aberto na aplicação e otimização de métodos como a Análise de Componentes Principais (PCA) e Análise Discriminante Linear (LDA), que serão pontos de partida para a implementação de ferramentas mais complexas na análise de dados.].

METODOLOGIA

As técnicas PCA e LDA foram implementadas computacionalmente com a linguagem de programação Python, para que toda a análise tenha maior liberdade e independência em relação a softwares estatísticos privados. A implementação da codificação foi baseada em bibliotecas, como scikit-learn e seaborn, que são bibliotecas de aprendizado de máquina de código aberto na linguagem Python. Os dados trabalhos foram obtidos a partir da análises realizadas pelo espectrômetro Cary 660.

RESULTADOS

A codificação implementada alcançou os resultados esperados. Com eles, conseguimos encontrar padrões para cada linha celular utilizada em nossa pesquisa inicial e, ao mesmo tempo, diferenciá-las. Como essas análises visam reduzir o espaço amostral, elas servem como uma etapa inicial que simplifica o conjunto de dados obtido pelo espectrômetro para estudos adicionais usando a técnica de FTIR. Conseguimos visualizar a separação das amostras e estabelecer um ponto de partida para prosseguir com todas as pesquisas promovidas pela técnica de FTIR e uma rotina para processar qualquer conjunto de dados adquiridos de amostras.

CONCLUSÕES

Nossos resultados mostraram que esses métodos são eficazes, uma vez que houve perdas mínimas nas informações contidas nos grupos de dados originais fornecidos pelo espectrômetro. Ambos os procedimentos refinam nosso processamento de dados e têm ações quase complementares. Enquanto o PCA

encontrará os principais eixos de variação para uma grande quantidade de informações, o LDA considerará a existência de classes para os dados, destacando uma separação linear daqueles. Contudo, verificou-se, também, a necessidade de uma gama muito maior de dados para uma maior qualidade nos resultados obtidos pelo programa do LDA.

APOIO FINANCEIRO AO PROJETO

CNPq/ INCT de Fotonica nº 465763/2014-6

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

[1] A. C. S. D. d. Barros and K. R. M. Leite, "Classificação molecular dos carcinomas de mama: uma visão contemporânea," *Rev. bras. mastologia*, vol. 25, no. 4, 2015.

[2] C. L. Arteaga, M. X. Sliwkowski, C. K. Osborne, E. A. Perez, F. Puglisi, and L. Gianni, "Treatment of her2-positive breast cancer: current status and future perspectives," *Nature reviews Clinical oncology*, vol. 9, no. 1, p. 16, 2012.

[3] S. Kar, D. R. Katti, and K. S. Katti, "Fourier transform infrared spectroscopy based spectral biomarkers of metastasized breast cancer progression," *Spectrochimica Acta Part A: Molecular and Biomolecular Spectroscopy*, vol. 208, pp. 85–96, 2019.

[4] B.-B. Wu, Y.-P. Gong, X.-H. Wu, Y.-Y. Chen, F.-F. Chen, L.-T. Jin, B.-R. Cheng, F. Hu, and B. Xi-ong, "Fourier transform infrared spectroscopy for the distinction of mcf-7 cells treated with different concentrations of 5-fluorouracil," *Journal of translational medicine*, vol. 13, no. 1, p. 108, 2015.

[5] L. C. Lee, C.-Y. Liong, and A. A. Jemain, "Partial least squares-discriminant analysis (pls-da) for classification of high-dimensional (hd) data: a review of contemporary practice strategies and knowledge gaps," *Analyst*, vol. 143, no. 15, pp. 3526–3539, 2018.