

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
INSTITUTO DE BIOCÊNCIAS DE BOTUCATU

Dr. André Luiz Molan

**Construção de um Modelo Preditivo Baseado em Assinaturas
Transcrpcionais para a Caracterização do Risco em Pacientes com Câncer
de Tireoide**

Relatório Científico Circunstanciado exigido para a
conclusão de Pós-Doutorado exigido pelo Programa de
Pós-Doutorado da Unesp.

Grande Área: Ciências Biológicas

Área: Genética

Subárea: Genética Humana e Médica

Supervisor: Prof. Dr. José Luiz Rybarczyk Filho

Botucatu, Dezembro de 2023.

Resumo

A tireoide é uma glândula endócrina que desempenha diferentes papéis relacionados tanto ao desenvolvimento de órgãos quanto ao controle homeostático de mecanismos fisiológicos relacionados ao crescimento e consumo de energia em todos os vertebrados. A incidência do câncer de tireoide, de forma global, vem aumentando gradativamente. Nos últimos 30 anos, países como os Estados Unidos tiveram o número de casos quase triplicado. O câncer de tireoide é a malignidade mais comum em órgãos endócrinos. A maioria de seus tumores são derivados de células epiteliais foliculares, enquanto 3-5% tem origem parafolicular ou células C (carcinoma medular). Normalmente, ocorrem em nódulos tireoidianos e são detectados por exames de toque ou imagem. Os nódulos, tipicamente, são unilaterais e indolores. Devido à grande maioria dos nódulos serem benignos, o desafio clínico consiste em identificar de forma rápida e precisa os nódulos que realmente abrigam o câncer. A amostragem de nódulos através da biópsia com agulha fina de aspiração (FNA) guiada por ultrassom, seguido de uma análise citológica das células coletadas, são os métodos mais utilizados e que melhores resultados apresentam. Um método alternativo à aspiração citológica é a mini biópsia *trucut*. Ela permite ao patologista ter acesso ao núcleo do tecido tireoidiano. Sua realização consiste no uso de uma agulha *trucut* 18G acompanhado de anestesia local e uso de ultrassom, e normalmente é aplicado quando a técnica com FNA mostra resultados não diagnóstico ou suspeitos de malignidade. Contudo, ambos os métodos são passíveis de falhas. Experimentos utilizando tecnologia de sequenciamento NGS (*Next Generation Sequence*) se tornaram uma grande ferramenta para a melhoria de acurácia nos diagnósticos de câncer de tireoide. Na prática clínica, experimentos NGS tem sido usados, ainda, no diagnóstico de nódulos tireoidianos com citologia indeterminada. Diante deste cenário, com uma grande oferta de dados e grandes avanços tecnológicos, técnicas estatísticas e modelos computacionais se tornaram ferramentas indispensáveis para a análise genômica e transcriptômica tumoral. Com isso, destacamos o aprendizado de máquina, um ramo da inteligência artificial composto por algoritmos capazes de buscar por padrões ou tendências em um dado conjunto de dados e utilizar o conhecimento adquirido para a realização de predições e busca por novos *insights*.

Abstract

The thyroid is an endocrine gland that plays different roles in the development of organs and the homeostatic control of physiological mechanisms related to growth and energy consumption in all vertebrates. The incidence of thyroid cancer, globally, has been increasing gradually. In the last 30 years, countries like the United States have had the number of cases almost tripled. Thyroid cancer is the most common malignancy of endocrine organs. Most of their tumors are derived from follicular epithelial cells, while 3-5% have parafollicular or C-cell origin (medullary carcinoma). They usually occur in thyroid nodules and are detected by touch or imaging tests. Nodules are typically unilateral and painless. Because the vast majority of nodules are benign, the clinical challenge is to quickly and accurately identify the nodules that actually harbor cancer. Sampling of nodules through ultrasound-guided fine-needle aspiration biopsy (FNA), followed by a cytological analysis of the collected cells, are the most used methods and the ones with the best results. An alternative method to cytological aspiration is the trucut mini biopsy. It allows the pathologist to gain access to the core of the thyroid tissue. Its performance consists of the use of an 18G trucut needle with local anesthesia and use of ultrasound, and is usually applied when the FNA technique shows non-diagnostic results or malignancy suspicious. However, both methods are prone to failure. Experiments using NGS sequencing technology have become a great tool for improving the accuracy of thyroid cancer diagnoses. In clinical practice, NGS experiments have also been used in the diagnosis of thyroid nodules with indeterminate cytology. In this scenario, with a large supply of data and major technological advances, statistical techniques and computational models have become indispensable tools for tumor genomics and transcriptomics analysis. Thus, we highlight machine learning, a branch of artificial intelligence composed of algorithms capable of searching for patterns or trends in a given data set and using the acquired knowledge to make predictions and search for new insights.

Lista de Figuras

1.1	Modelo de progressão	p. 5
4.1	Curva Regressão Logística	p. 10
4.2	<i>Multilayer Perceptron</i>	p. 11
4.3	Árvore de Decisão	p. 11
4.4	Exemplo de Árvore de Decisão	p. 12
4.5	Modelo SVM	p. 12
4.6	Validação Cruzada	p. 13
4.7	Balanceamento amostral	p. 16

Lista de Tabelas

1.1	Tipos de Tumores e Perfis de Mutação	p. 2
1.2	Tipos de Tumores e Perfis de Mutação	p. 3
1.3	Classificação citológica	p. 4
1.4	Estratificação de Risco	p. 5
A.1	Transcritos Assinatura Modelo 1	p. 26
A.2	Transcritos Assinatura Modelo 2	p. 28
B.1	Relação de modelos de aprendizado de máquina obtidos	p. 32
C.1	Enriquecimento Funcional baseado no <i>Gene Ontology</i> Modelo 1	p. 111
C.2	Enriquecimento Funcional baseado no <i>Gene Ontology</i> Modelo 2	p. 121
D.1	Enriquecimento NCG Modelo 1	p. 133
D.2	Enriquecimento DO Modelo 1	p. 134
D.3	Enriquecimento DGN Modelo 1	p. 135

Sumário

Resumo	p. ii
Abstract	p. iii
1 Introdução	p. 1
2 Justificativa	p. 7
3 Objetivos	p. 8
3.1 Objetivos Específicos	p. 8
4 Material e Métodos	p. 9
4.1 Dados Tumoriais	p. 9
4.2 Técnicas de Aprendizado de Máquina	p. 9
4.2.1 Regressão Logística	p. 9
4.2.2 Rede neural com <i>Multilayer Perceptron</i> (MLP)	p. 10
4.2.3 Árvore de Decisão	p. 11
4.2.4 <i>Support Vector Machine</i>	p. 12
4.2.5 Validação Cruzada (<i>Cross Validation</i>)	p. 13
4.3 Seleção de <i>Features</i>	p. 13
4.3.1 Metanálise	p. 13
4.3.2 Método Univariado	p. 14
4.3.3 Expressão Diferencial	p. 14
4.4 Balanceamento Amostral	p. 15
4.5 Construção dos Modelos	p. 16

4.6	Enriquecimento Funcional	p. 17
5	Resultados e Discussões	p. 19
6	Conclusão	p. 21
	Referências Bibliográficas	p. 22
	Apêndice A	p. 25
	Apêndice B	p. 31
	Apêndice C	p. 110
	Apêndice D	p. 132

1 Introdução

A tireoide é a primeira glândula endócrina que se desenvolve nos seres humanos, tendo como origem um divertículo localizado na parede ventral mediana da faringe (BENVENGA et al., 2018) e desempenhando diferentes papéis relacionados tanto ao desenvolvimento de órgãos quanto ao controle homeostático de mecanismos fisiológicos relacionados ao crescimento e consumo de energia em todos os vertebrados. Ela é responsável pela produção dos hormônios T3 (triiodotironina), T4 (tiroxina) e calcitonina, sendo os dois primeiros controlados pelo hormônio estimulante da tireoide (TSH), produzido pela glândula hipófise (MAENHAUT et al., 2015).

Mundialmente, a incidência do câncer de tireoide vem aumentando gradativamente. Nos Estados Unidos e demais países com elevado grau de industrialização o número de casos quase triplicou nos últimos 30 anos. Acredita-se que este crescimento se deva ao maior acesso a exames de imagens de alta resolução e aumento do uso da técnica de aspiração com agulha fina (FNA) de pequenos nódulos, além da redução do rigor dos critérios histopatológicos adotados no diagnóstico do câncer papilar. É preciso destacar, ainda, como fator relacionado ao aumento de casos, o uso mais amplo de radiação ionizante por meio dos exames diagnósticos por imagem como raios-X e tomografia, por exemplo (NIKIFOROV; NIKIFOROVA, 2011).

O câncer de tireoide é a malignidade mais comum em órgãos endócrinos. A maioria de seus tumores são derivados de células epiteliais foliculares, enquanto 3-5% tem origem parafolicular ou células C (carcinoma medular). Os cânceres derivados de células foliculares podem, ainda, ser subdivididos em carcinoma papilar bem diferenciado e carcinoma folicular, carcinoma pouco diferenciado (carcinoma insular) e carcinoma anaplásico (indiferenciado). Uma descrição do perfil de mutação de cada tipo de tumor pode ser observado na Tabela 1.1 e Tabela 1.2. Normalmente, ocorrem em nódulos tireoidianos e são detectados por exames de toque ou imagem. A maior parte dos nódulos encontrados são benignos (adenomas) mas podem, no entanto, ser precursores para alguns tumores de origem folicular (NIKIFOROV; NIKIFOROVA, 2011). Os nódulos, tipicamente, são unilaterais e indolores, surgindo em pacientes cuja tireoide não apresenta alterações em seu funcionamento (hipertireoidismo ou hipotireoidismo) (NIX; NICOLAIDES; COATESWORTH, 2005). Em um estudo de Belfiori e colaboradores

(BELFIORE et al., 1992), envolvendo 5000 pacientes, a incidência encontrada de câncer foi de 5,3%.

Tabela 1.1: Tipos de tumores de tireoide e seus perfis de mutação - Parte I.

Características	Carcinoma Papilífero	Carcinoma Folicular	Carcinoma Pouco Diferenciado
Tipo celular	Folicular	Folicular	Folicular
Principais variantes histopatológicas	Tipo papilífero clássico, microcarcinoma, variante folicular, variante de células altas	Tipo convencional, tipo oncocítico (células de Hurthle)	—
Prevalência (%)	80-85	10-15	<2
Frequência de formas familiares (%)	5	5	0
Rota típica para espalhamento	Metástase em linfonodos locais	Metástase hematogênica, tipicamente para ossos e pulmões	Crescimento local invasivo, metástases hematogênicas e em linfonodos
Sobrevivência após 10 anos (%)	95-98	90-95	~50
Principais mutações e suas prevalências (%)	BRAF 40-45 RAS 10-20 RET/PTC 10-20 TRK ;5	RAS 40-50 PAX8/PPAR? 30-35 PIK3CA ;10 PTEN ;10	RAS 20-40 TP53 20-30 BRAF 10-20 CTNNB1 10-20 PIK3CA 5-10 AKT1 5-10

Fonte: Tabela adaptada de (NIKIFOROV; NIKIFOROVA, 2011).

Tabela 1.2: Tipos de tumores de tireoide e seus perfis de mutação - Parte II.

Características	Carcinoma Anaplásico (indiferenciado)	Carcinoma Medular
Tipo celular	Folicular	Células C
Principais variantes histopatológicas	—	—
Prevalência (%)	1-2	3-5
Frequência de formas familiares (%)	0	15-30
Rota típica para espalhamento	Crescimento local invasivo, metástases hematogênicas e em linfonodos	Metástases hematogênicas e em linfonodos
Sobrevivência após 10 anos (%)	<10	60-80
Principais mutações e suas prevalências (%)	TP53 50-80 CTNNB1 5-60 RAS 20-40 BRAF 20-40 PIK3CA 10-20 PTEN 5-15 AKT1 5-10	Formas familiares: RET >95 Sporadic: RET 40-50 RAS 25

Fonte: Tabela adaptada de (NIKIFOROV; NIKIFOROVA, 2011).

Em função de a grande maioria dos nódulos serem benignos, o desafio clínico consiste em identificar de forma rápida e precisa os nódulos que realmente abrigam o câncer. A amostragem de nódulos através da biópsia com agulha fina de aspiração (FNA) guiada por ultrassom, seguido de uma análise citológica das células coletadas, são os métodos mais utilizados e que melhores resultados apresentam, contudo, são incapazes de um diagnóstico conclusivo para aproximadamente 25% dos nódulos (NIKIFOROV; NIKIFOROVA, 2011). Os resultados citológicos são reportados como *Thy1* (sem diagnóstico), *Thy2* (benigno) e *Thy3-5* (suspeita de malignidade), como mostra a Tabela 1.3. Embora a sensibilidade e especificidade do método sejam, respecti-

vamente, 95% e 86%, existem algumas preocupações com o diagnóstico citológico. Carcinomas papilíferos são diagnosticados mais facilmente devido à presença de inclusões citoplasmáticas e ranhuras nucleares, porém, não é possível distinguir células neoplásicas foliculares malignas de benignas (NIX; NICOLAIDES; COATESWORTH, 2005).

Tabela 1.3: Classificação citológica das amostras obtidas a partir da técnica FNA (agulha fina de aspiração) aplicada nos nódulos de tireoide.

Tipo	Descrição
<i>Thy1</i>	Não-diagnóstico: manchas citológicas devem conter mais do que 6 grupos de pelo 10 células foliculares de tireoide.
<i>Thy2</i>	Não-neoplásico: características compatíveis com um bócio nodular ou tireoidite.
<i>Thy3</i>	Todas as lesões foliculares: incapaz de diferenciar adenoma ou carcinoma de tireoide.
<i>Thy4</i>	Suspeita de malignidade: incapaz de excluir malignidade (aproximadamente um terço são malignos).
<i>Thy5</i>	Diagnóstico para malignidade: características inequívocas de carcinoma papilar, medular, anaplásico, linfoma ou carcinoma metastático.

Fonte: Tabela adaptada de (NIX; NICOLAIDES; COATESWORTH, 2005).

Um método alternativo à aspiração citológica é a mini biópsia *trucut*. Ela permite ao patologista ter acesso ao núcleo do tecido tireoidiano. Sua realização consiste no uso de uma agulha *trucut* 18G acompanhado de anestesia local e uso de ultrassom e seus resultados apresentam 98% de sensibilidade e 100% de especificidade. Trata-se de uma metodologia simples, segura e de baixo custo, normalmente aplicada quando a técnica com FNA mostra resultados não diagnóstico ou suspeitos de malignidade. Em particular, este método possibilita diferenciar linfoma de tireoide de um carcinoma anaplásico, os quais poderiam necessitar de uma incisão formal para realização da biópsia e posterior diagnóstico (NIX; NICOLAIDES; COATESWORTH, 2005).

Os métodos com FNA e *trucut* podem, eventualmente falhar ao prover informações suficientes para que o médico seja capaz de recomendar um plano de tratamento. Quando isso ocorre, ao invés de repetidas tentativas de biópsia, uma lobectomia tireoidiana diagnóstica pode ser justificada. Esta operação implica em uma lobectomia total combinada com uma istmectomia e a decisão para isso é parcialmente ditada pela atitude do paciente em relação ao risco, o qual é estratificado e pode ser observado na Tabela 1.4.

Tabela 1.4: Estratificação do risco de câncer de tireoide.

Estratificação do Risco	Baixo Risco	Alto Risco
<i>Fatores relacionados ao paciente</i>		
Idade (anos)	16-45	16 <ou >45
Sexo	Mulher	Homem
<i>Fatores relacionados ao tumor</i>		
Tamanho	<1cm	>1cm
Grau Histológico	Bem diferenciado	Grau alto, envolvimento vascular
Metástase	—	Espalhamento extracapsular, linfonodos afetados e metástase distantes

Fonte: Tabela adaptada de (NIX; NICOLAIDES; COATESWORTH, 2005).

O prognóstico de pacientes com carcinoma de tireoide diferenciado (DTC) depende de uma série de fatores, como pode ser observado na Figura 1.1. A idade do paciente é um importante fator de prognóstico. Pacientes mais jovens, normalmente com idade inferior a 45 anos, possuem um prognóstico mais favorável quando comparados a pacientes mais velhos. Para aqueles com menos de 45 anos, a taxa de sobrevivência após 10 anos fica entre 98% e 99%. Em contraste, pacientes com idade superior a 70 anos apresentam taxa de mortalidade entre 20% e 25%.

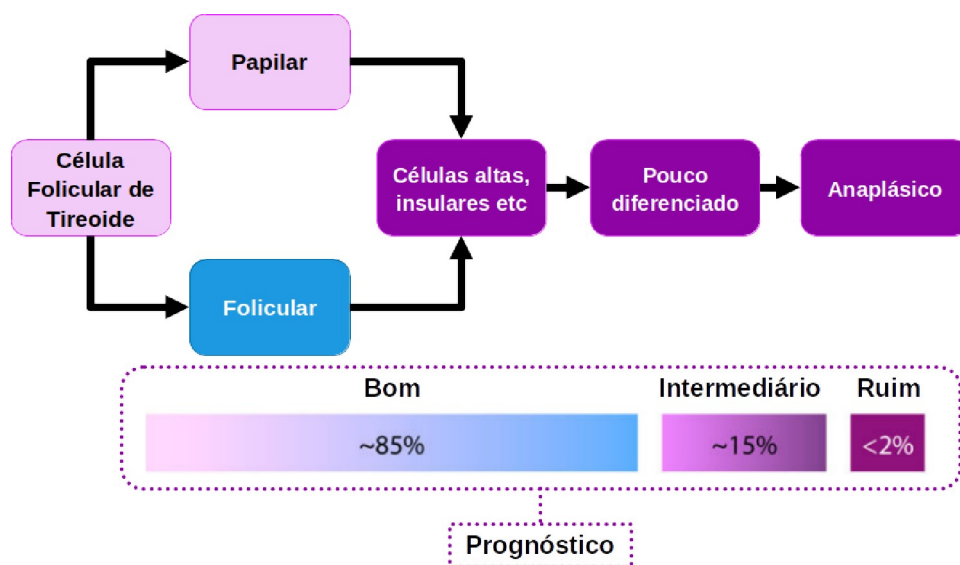


Figura 1.1: Modelo de progressão do tumor de tireoide. Fonte: Figura adaptada de (SHAH, 2015).

Experimentos utilizando tecnologia de sequenciamento NGS (*Next Generation Sequence*) se tornaram uma grande ferramenta para a melhoria de acurácia nos diagnósticos de câncer de tireoide e personalização das diferentes formas de tratamento da doença. Os cânceres de tireoide apresentam alterações genéticas características como mutações pontuais nos proto-oncogenes (BRAF, NRAS, HRAS e KRAS) e rearranjos cromossômicos (RET/PTC1, RET/PTC3 e PAX8/PPARG) que variam de acordo com cada subtipo histológico dos tumores. Na prática clínica, experimentos NGS tem sido usados, ainda, no diagnóstico de nódulos tireoidianos com citologia indeterminada, uma vez que técnicas como FNA apresentam limitações e são incapazes de diagnosticar 100% dos casos (CHA; KOO, 2016).

Diante deste cenário, com uma grande oferta de dados e avanços tecnológicos, técnicas estatísticas e modelos computacionais se tornaram ferramentas indispensáveis para a análise genômica e transcriptômica tumoral. Com isso, damos destaque ao **aprendizado de máquina**, um ramo da inteligência artificial composto por algoritmos capazes de buscar por padrões ou tendências em um dado conjunto de dados e utiliza-las para tirar conclusões inerentes à tomada de decisões. O aprendizado de máquina implica em um sistema capaz de modificar o seu comportamento de forma autônoma baseado na sua própria experiência e com o mínimo de interação humana (NAQA; MURPHY, 2015). Em um estudo de Yang e colaboradores (YANG et al., 2019), utilizou-se algoritmos de aprendizado de máquina na análise de carcinoma de tireoide diferenciado com o intuito de melhorar a acurácia dos prognósticos clínicos. O uso de modelos de aprendizado de máquina também pode ser visto em um trabalho conduzido por Wu e colaboradores (WU et al., 2020). A fim de prever metástases em linfonodos centrais em pacientes com câncer papilífero de tireoide, construiu-se um modelo preditivo a partir de análises convencionais univariadas e multivariadas aplicadas a dados de sequenciamento NGS ligados a diferentes variáveis clínicas e resultados de exames ultrassonográficos.

2 *Justificativa*

A amostragem de nódulos através da biópsia com agulha fina de aspiração (FNA) e a mini biópsia *trucut* são os métodos mais utilizados e que melhores resultados apresentam, contudo, podem, eventualmente, falhar ao prover informações suficientes para que o médico seja capaz de recomendar um plano de tratamento. O método com FNA, por exemplo, é incapaz de um diagnóstico conclusivo para aproximadamente 25% dos nódulos.

Quando há espalhamento maligno extracapsular ou presença de extensão retroesternal do tumor, indica-se o uso de tomografia computadorizada (CT) ou ressonância magnética. Caso a CT utilize iodo como contraste, este irá bloquear a absorção de iodo pelo tecido tireoidiano por até 6 meses, reduzindo os benefícios de uma futura iodo terapia ou realização de novos exames diagnósticos que também utilizem o iodo.

Exames de diagnóstico por imagem utilizando radioisótopos podem ser utilizados para diferenciar nódulos funcionais (quentes) de nódulos não funcionais (frios). Em nódulos funcionais, o risco de malignidade é inferior a 1%. Entretanto, imageamento feito com tecnécio 99, por exemplo, são poucos específicos e sensíveis no diagnóstico de câncer de tireoide. Alguns tumores possuem a habilidade de absorver o tecnécio, fazendo com que nódulos frios sejam identificados com quentes.

Tecnologias de sequenciamento NGS possibilitaram a geração e disseminação de grandes conjuntos de dados biológicos referentes a tumores de tireoide. Tal evento, associado à métodos estatísticos e ao crescente aumento do poder de processamento computacional, permite implementação de modelos de *aprendizado de máquina* para a análise de grandes quantidades de dados genômicos e transcriptômicos. A aplicação de técnicas de aprendizado supervisionado, como regressão logística, árvore de decisão, *support vector machine* e redes neurais artificiais permitem a construção de ferramentas capazes de encontrar diferentes padrões presentes nos dados de expressão gênica. Isso torna possível a identificação de assinaturas transcricionais que podem servir como marcadores para a caracterização do risco tumoral em diferentes pacientes.

3 *Objetivos*

O presente trabalho tem como objetivo a construção de um modelo de aprendizado de máquina supervisionado em linguagem de programação *Python* aplicando as técnicas de regressão logística, árvore de decisão, *support vector machine* e redes neurais artificiais com *multilayer perceptron* em dados de expressão gênica de sequenciamento de RNA (RNA-seq) de tumores primários de tireoide para identificação de assinaturas transcricionais capazes de caracterizar o risco tumoral.

3.1 **Objetivos Específicos**

- Análise exploratória dos dados;
- Seleção de transcritos (*features*) a partir de:
 - Análise de expressão diferencial;
 - Metanálise utilizando o método de *Stouffer*;
 - Métodos estatísticos univariados presentes na biblioteca *Scikit-learn* da linguagem *Python*.
- Balanceamento do conjunto de dados de expressão gênica;
- Criação, treinamento e teste dos modelos utilizando:
 - Regressão logística;
 - *Support Vector Machine*;
 - Árvores de decisão;
 - Redes neurais artificiais com *multilayer perceptron*.
- Análise de enriquecimento funcional gênico com base nos transcritos encontrados nos modelos com melhor acurácia preditiva.

4 *Material e Métodos*

4.1 Dados Tumoriais

Faremos uso de um conjunto de dados obtidos a partir de experimentos de sequenciamento de RNA (RNA-seq) de 928 pacientes diagnosticados com diferentes subtipos de câncer de tireoide. Os dados encontram-se processados, dispensando a implementação de um protocolo de análise do tipo *bulk*. Cada um dos pacientes está associado a variáveis clínicas (idade, sexo, classificação histopatológica, tipo de tumor, entre outros) que servirão como parâmetros principais para a implementação de modelos de aprendizado de máquina. Os dados foram obtidos via TCGA (*The Cancer Genome Atlas*) (TOMCZAK; CZERWIŃSKA; WIZNEROWICZ, 2015), gerenciado pelo National Cancer Institute (NIH), disponível em <https://portal.gdc.cancer.gov/> e acessado em 05 de novembro de 2022. Vale salientar, ainda, que utilizamos apenas dados expressão de tumores primários.

4.2 Técnicas de Aprendizado de Máquina

4.2.1 Regressão Logística

Modelos de regressão logística, conforme (NICK; CAMPBELL, 2007), são definidos como “*modelos estatísticos que descrevem a relação entre uma variável dependente qualitativa (ou seja, uma que leva em conta certos valores discretos como a presença ou não de uma doença) e uma variável independente*”. Podemos utilizar a regressão logística, por exemplo, para estudar os efeitos de variáveis preditoras sobre resultados categóricos - normalmente, associados à variáveis binárias. Quando a presença de apenas uma variável preditora, chamamos de regressão logística simples. Em contrapartida, se dispomos de múltiplos preditores, sejam categóricos ou contínuos, atribuímos o nome de regressão logística múltipla ou multivariada.

A regressão logística se encaixa na categoria de aprendizado supervisionado, sendo capaz de resolver problemas de classificação através da predição da probabilidade de um evento ocor-

rer ou não (SPICEWORKS, 2022). Para mapear previsões e suas probabilidades, ela utiliza uma função logística conhecida como **função sigmoide**, representada pela Equação 4.1, a qual se refere a uma curva com o formato de “S”, vista na Figura 4.1, e que converte qualquer valor real para um valor entre 0 e 1.

$$f(x) = \frac{1}{1 + e^{-x}} \quad (4.1)$$

onde e é a base do logaritmo natural; x é o valor numérico a ser transformado.

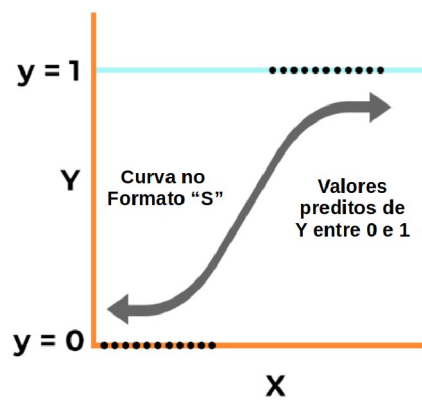


Figura 4.1: Curva que representa a regressão logística a partir da Equação 4.1. Fonte: Figura adaptada de (SPICEWORKS, 2022).

4.2.2 Rede neural com *Multilayer Perceptron* (MLP)

Redes neurais artificiais consistem em um paradigma de programação cujo propósito é emular as microestruturas do cérebro e são utilizadas para a solução de diferentes problemas como reconhecimento e interpolação. O cérebro humano contém bilhões de células individuais chamadas neurônios e todo nosso conhecimento e experiência são codificados pelas conexões entre essas células. A partir disso, somos levados algoritmos desafiadores, desenvolvidos, em princípio, para a solução de problemas de inteligência artificial, incluindo *Perceptron* e *Multilayer Perceptron* (NORIEGA, 2005).

Uma rede neural artificial, geralmente, consiste em um dispositivo de entrada saída, com os neurônios organizados em camadas. *perceptrons* simples são formados por uma camada de neurônios de entrada, uma camada de neurônios de saída e uma única camada de pesos entre entrada e saída (NORIEGA, 2005). Quando existe mais de uma camada separando a entrada e saída, damos o nome de *multilayer perceptron*, como mostra a Figura 4.2.

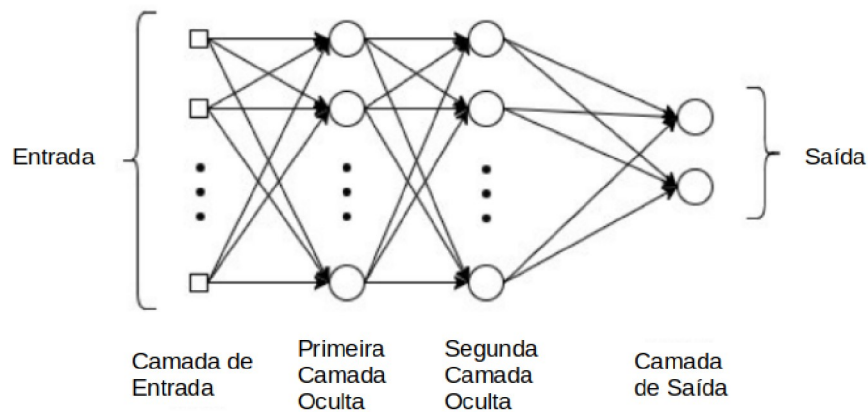


Figura 4.2: Representação gráfica de uma rede neural artificial utilizando *multilayer perceptron*. Fonte: Figura adaptada de (PEIXOTO, 2020).

4.2.3 Árvore de Decisão

Árvore de decisão é uma técnica não paramétrica de aprendizado de máquina supervisionado, utilizado tanto para problemas de classificação quanto regressão. Sua estrutura hierárquica em forma de árvore consiste em um nodo raiz, ramos, nodos internos e nodos folha (IBM, 2022), como pode ser observado na Figura 4.3.

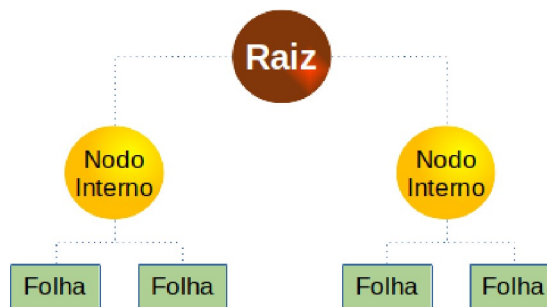


Figura 4.3: Representação gráfica de uma árvore de decisão. Fonte: Figura adaptada de (IBM, 2022).

Uma árvore de decisão tem início em sua raiz. A partir dela, se originam os nodos internos ou nodos de decisão. De acordo com as *features* disponíveis, ambos os nodos fazem avaliações com o intuito de formar subconjuntos homogêneos, que são as folhas ou nodos terminais. As folhas representam todos os resultados possíveis a partir do conjunto de dados inicial (IBM, 2022). Podemos ver um exemplo na Figura 4.4. Quanto à construção do nosso modelo, utilizamos a função *DecisionTreeClassifier* da biblioteca *Scikit-learn*, em *Python*, que é melhor explicado na Seção 4.5.

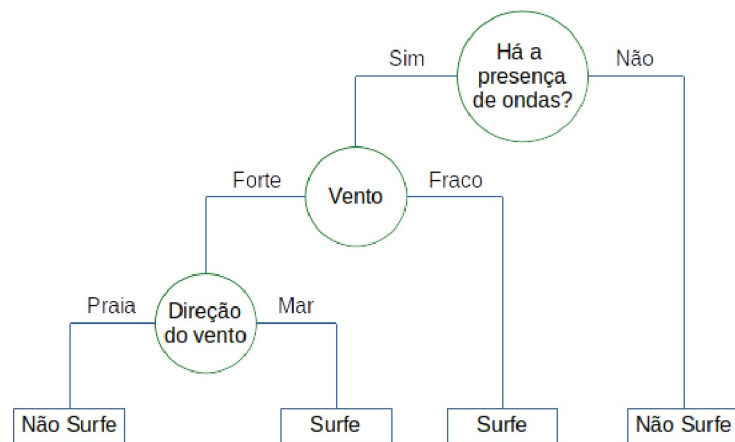


Figura 4.4: Exemplo de uma árvore de decisão ilustrando uma situação em que um surfista pode ou não surfar baseado nas condições do mar e do tempo. Fonte: Figura adaptada de (IBM, 2022).

4.2.4 *Support Vector Machine*

A técnica de *Support Vector Machine* (SVM), voltada para o aprendizado supervisionado, foi criada por Cortes e Vapnik em 1995 (CORTES; VAPNIK, 1995), inicialmente para classificação binária. Conforme (MEYER; WIEN, 2015), sua abordagem para a separação de classes buscava por um hiperplano de separação entre duas classes visando à maximização da margem entre os pontos mais próximos dessas classes. Os pontos limítrofes são chamados de vetores de suporte (*support vectors*) e a região média da margem é o ponto ótimo para separação dos hiperplanos, como mostra a Figura 4.5.

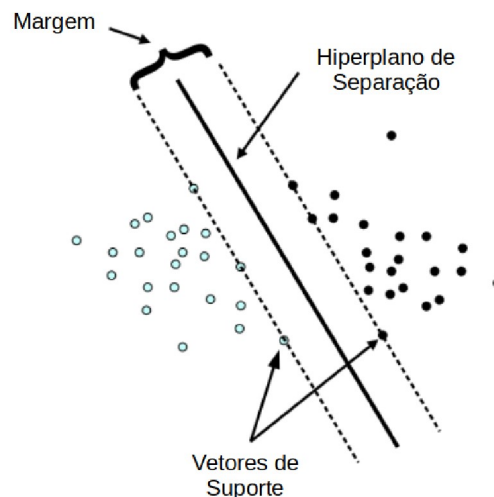


Figura 4.5: Exemplificação do modelo SVM (*Support Vectors Machine*). Fonte: Figura adaptada de (MEYER; WIEN, 2015).

Support Vector Machine, em sua essência, não suporta classificação multiclasse. Para contornar esse problema, no entanto, SVM utiliza a abordagem *One-to-One*, a qual consegue trans-

formar a questão multiclasse em um problema com múltiplos pares de classes binárias (BAELDUNG, 2021).

4.2.5 Validação Cruzada (*Cross Validation*)

Para a validação do modelo, utilizamos *cross validation* (validação cruzada), conforme Figura 4.6. Trata-se de uma técnica empregada para estimar como o modelo se comportaria utilizando um conjunto de dados genérico, garantindo que sejam feitas boas previsões. Normalmente, várias rodadas de validação são executadas iterativamente. Cada rodada consiste em dividir as amostras em dados de treinamento e dados de teste, utilizando os dados de treinamento para treinar o modelo e, então, avaliar sua *performance* com os dados de teste. Ao final deste processo, teremos um modelo capaz de realizar previsões com maior grau de confiabilidade (BALI et al., 2016).

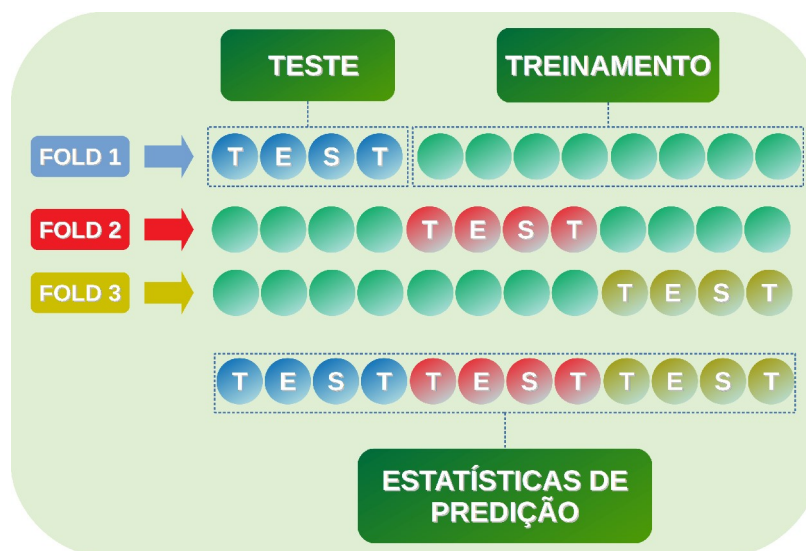


Figura 4.6: Exemplificação gráfica do funcionamento de uma validação cruzada de quatro etapas (*folds*.)

4.3 Seleção de *Features*

4.3.1 Metanálise

O método inicial escolhido para a seleção de *features* foi a metanálise, implementada em linguagem R a partir do pacote WGCNA (*Weighted Correlation Network Analysis*) (LANGFELDER; HORVATH, 2008). Por meio da função *metaAnalysis*, cujo manual do usuário está disponível em <https://cran.r-project.org/web/packages/WGCNA/WGCNA.pdf> (2020), o pacote utiliza o método de *Stouffer* (STOUFFER et al., 1949) para buscar por transcritos de

maior relevância com base no cálculo de *Z scores*, p-valores e q-valores (p-valores corrigidos por *False Discovery Rate*). Este método tem como base a seguinte equação:

$$Z_{ma} = \frac{Z_{s1} + Z_{s2} + \dots + Z_{sn}}{\sqrt{N_s}} \quad (4.2)$$

onde Z_{ma} é o desvio padrão normal para a meta-análise; $Z_{s1} + \dots + Z_{sn}$ são os desvios padrões de cada um dos estudos; N_s é o número total de estudos inclusos.

Entretanto, para a aplicação do método, alguns passos devem ser seguidos, conforme (CO-OPER, 1979): (I) armazene o nível de probabilidade encontrado em cada estudo; (II) encontre o *Z score* (desvio padrão normal) associado a cada nível de probabilidade; (III) some os *Z scores* e divida pela raiz quadrada do número de estudos envolvidos; e (IV) cheque o nível de probabilidade do *Z score* encontrado, o qual descreve a possibilidade de os resultados obtidos serem ou não ao acaso.

Essa técnica de seleção de *features* foi utilizada para testar os modelos associadas às nossas quatro variáveis de interesse: sobrevivência, progressão do tumor, alto risco do tumor e classe. Para os modelos construídos em *Python* (regressão logística, árvore de decisão e rede neural com *multilayer perceptron* com todas as variáveis), utilizamos apenas os transcritos com q-valores menores ou iguais a 0.001. Já para os modelos desenvolvidos em R (regressão logística apenas para a variável sobrevivência), dividimos o resultado da metanálise em 6 grupos de transcritos, com q-valores compreendidos entre 10^{-8} e 10^{-3} .

4.3.2 Método Univariado

Quando falamos em método de seleção de *features* univariado, nos referimos a um método que seleciona as melhores *features* baseado em testes estatísticos univariado, que são aqueles que envolvem apenas uma variável dependente. Alguns exemplos são os testes-t de médias, análises de variância (ANOVA), regressão linear, análises de covariância e modelos lineares generalizados como, por exemplo, regressão logística (MICHALOS, 2014).

4.3.3 Expressão Diferencial

Análise de expressão diferencial significa realizar uma análise estatística sobre um conjunto de dados de expressão gênica normalizado a fim de descobrir alterações quantitativas nos níveis de expressão grupos experimentais. Podemos aplicar, por exemplo, um teste estatístico para decidir se, para um dado gene, uma diferença observada em *read counts* é significativa, ou seja,

se ela é maior do que aquela esperada em função de variações randômicas naturais (INSTITUTE, 2022). Conduzimos uma análise de expressão diferencial utilizando os pacotes *edgeR* (ROBINSON; MCCARTHY; SMYTH, 2010) e *limma* (SMYTH, 2005), exclusivamente em linguagem R.

Com a função *DGEList*, do pacote *edgeR*, criamos um objeto para armazenar a tabela com os dados relacionada à variável alto risco tumoral. Os valores de expressão foram normalizados pela função *calcNormFactor*, também pertencente ao *edgeR*. Por fim, como os valores de expressão tem origem em um experimento de RNA-seq e encontram-se em FPKM (*Fragments per Kilobase per Million*), utilizamos a função *voom*, do pacote *limma*, para a realização da expressão diferencial com base nos resultados das funções associadas ao *edgeR*. Como transcritos diferencialmente expressos, consideramos aqueles com q-valor menor ou igual a 0.01 e *log fold change* maior que 1 e menor que -1.

4.4 Balanceamento Amostral

A performance de modelos de *machine learning* pode ser influenciada por diferentes aspectos. Um deles está relacionado ao balanceamento das diferentes classes (*labels*) associadas a uma determinada variável. Isso ocorre quando a quantidade de amostras com uma característica A, por exemplo, é muito maior que o número de amostras com uma característica B. Essa ocorrência é um evento que encontramos com bastante frequência no mundo real e compromete a capacidade do modelo em fazer predições acerca da característica com menor quantidade (BATISTA; PRATI; MONARD, 2004).

Para resolver este problema, precisamos aplicar métodos de reamostragem, que consistem na adição de registros para a classe de menor quantidade ou exclusão de registros da classe de maior quantidade, a fim de que ambas se igualem. O processo de adição recebe o nome de *oversampling*, enquanto que a exclusão é chamada de *undersampling* (MOHAMMED; RAWASHDEH; ABDULLAH, 2020). Um exemplo das formas de balanceamento é mostrada pela Figura 4.7.

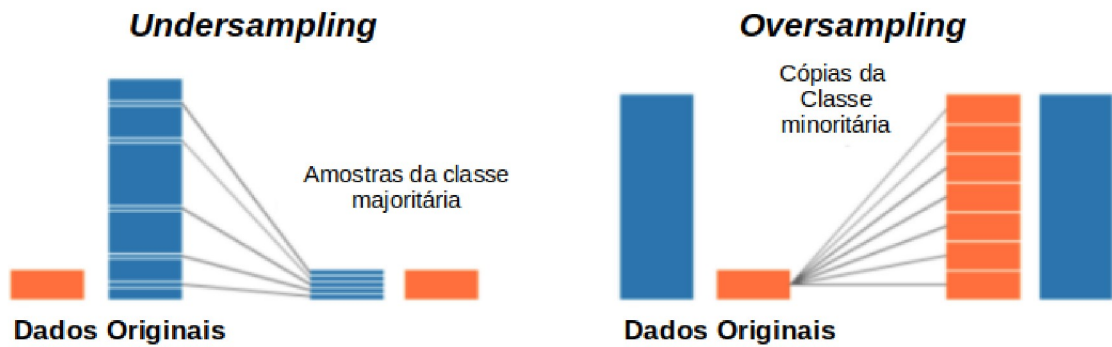


Figura 4.7: Representação gráfica dos balanceamentos *oversampling* e *undersampling*. Fonte: Figura adaptada de (BADR, 2019).

4.5 Construção dos Modelos

Em *Python* construímos os modelos a partir da variável risco do tumor. Implementamos as técnicas de regressão logística, rede neural artificial com *multilayer perceptron*, *support vector machine* e árvore de decisão. Referente à seleção das *features*, utilizamos o métodos univariado, metanálise, *feature selection* e análise de expressão diferencial. À cada um dos modelos criados, utilizando uma dada técnica de aprendizado e uma determinada forma de seleção de *features*, fizemos dois tipos de balanceamento amostral. No primeiro, *oversampling*, utilizamos o algoritmo SMOTE. Já no segundo, *undersampling*, fizemos uso de funções base da linguagem para a amostragem randomizada do *label* com maior quantidade de elementos.

Para a aplicação dos diferentes métodos de *machine learning*, seleção de *features* e balanceamento, normalizamos o conjunto de dados utilizando a função *StandardScaler*, da biblioteca *ScikitLearn*.

Com a normalização concluída, partimos para a seleção das *features*. Expressão gênica e metanálise foram realizadas em R, com posterior exportação dos dados para *Python*. A primeira pode ser vista com detalhes na Subseção 4.3.3. Já a segunda, é explicada na Subseção 4.3.1. Em *Python*, aplicamos os métodos univariado e *feature selection*, ambos da biblioteca *Scikit-learn*. A implementação do método univariado utilizou a função *SelectKBest*, com classificador *f_classif* e *k* igual ao número de melhores *features* desejado, variando de 30 a 2130 com passo 30. *Feature selection*, por sua vez, foi aplicado com a função *SelectFromModel*, do *Scikit-learn*, associada ao método de aprendizado supervisionado *Support Vector Machine*.

A construção dos modelos se deu através da criação de uma função de usuário. Com o uso de laços de repetição concatenados, implementamos os diferentes métodos de uma só vez. O primeiro laço, mais externo, faz o controle de qual variável será utilizada. No segundo laço,

interno ao primeiro, fazemos o controle do método de aprendizado a ser aplicado. Por fim, no terceiro laço, interno ao segundo, controlamos a técnica de seleção de *features*. É preciso salientar, entretanto, que se o método de seleção de *features* for o univariado, fazemos referência a uma segunda função responsável pela variação dos passos (de 10 em 10).

A rede neural artificial com *multilayer perceptron* foi implementada pela função *MLPClassifier*, atribuindo como argumento principal *solver* igual a *lbfgs* (algoritmo padrão da função utilizado para a otimização dos dados). Quanto a árvore de decisão, a função usada foi *DecisionTreeClassifier*, utilizando os argumentos no formato padrão dela. Referente à *regressão logística*, a função aplicada foi *LogisticRegression*, com argumento principal *solver* igual a *liblinear*, também um algoritmo de otimização de dados, mas voltado para regressão. Já para o método *support vector machine*, aplicamos a função *svm.SVC*, com argumento principal *probability = TRUE*. Todas as funções aqui mencionadas pertencem à biblioteca *Scikit-Learn*.

O balanceamento *oversampling* utilizou somente o método SMOTE, com função de mesmo nome, tendo como argumento principal *random_state* igual a zero. Para a aplicação do balanceamento *undersampling*, criamos uma rotina onde a função principal era *random.choice*, da biblioteca *numpy*. À ela, atribuímos o *label* com maior quantidade de elementos e o número de elementos que desejávamos amostrar randomicamente (quantidade igual à classe minoritária).

4.6 Enriquecimento Funcional

A análise de enriquecimento funcional gênico de dados de expressão de RNA-seq se tornou rotineira em pesquisas biomédicas. Ela permite extrair informações biológicas a partir do agrupamento dos genes de acordo com suas funções biológicas, localização no cromossomo ou processos de regulação, possibilitando a obtenção de *insights* importantes sobre o perfil de expressão de um dado experimento (SUBRAMANIAN et al., 2005). Após a obtenção dos melhores modelos em linguagem *Python*, a partir das *features* relacionadas a estes modelos, conduzimos uma análise de enriquecimento funcional com base em processos biológicos do *Gene Ontology* (GO) e ontologias relacionadas a doenças presentes em bancos de dados associados ao pacote DOSE (YU et al., 2015), da linguagem R.

Com a função *new*, do pacote *topGO* (ALEXA; RAHNENFÜHRER, 2009), criamos o objeto para o enriquecimento funcional, informando, como principais atributos, a relação de nomes das *features* (transcritos) no formato *ensembl id*, o tipo de domínio do *Gene Ontology* desejado (Processos Biológicos) e o pacote de dados de *Homo sapiens* contendo a relação entre as ontologias e os transcritos (*org.Hs.eg.db*, conforme (CARLSON et al., 2019)). Sem seguida,

passamos o objeto criado para a função *runTest*, do pacote *topGO*, para a realização do teste de *Fisher* (SPRENT, 2011) e identificação dos grupos significativos, com p-valores ajustados inferiores a 0.05. Para a extração das ontologias significativas, aplicamos a função *GenTable*, também do pacote *topGO*.

Quanto ao enriquecimento para doenças, utilizamos o pacote DOSE. Inicialmente, através do pacote *org.Hs.eg.db*, convertemos a nomenclatura dos transcritos de interesse de *ensembl id* para *entrez gene ID* (uma das exigências do pacote DOSE). Em seguida, conduzimos o enriquecimento de acordo com o banco de dados de interesse: *Disease Ontology* (DO), *Network of Cancer Gene* (NCG) ou *Disease Gene Network* (DGN). Para o enriquecimento via cada uma dessas bases, as funções utilizadas foram, respectivamente, *enrichDO*, *enrichNCG* e *enrichDGN*, todas pertencentes ao pacote DOSE. Dentre argumentos obrigatórios para essas funções, informamos o método de correção para p-valores (*false discovery rate* - FDR), valor de corte de q-valores (0.05) e a relação das *features* (transcritos com nomenclatura no formato *entrez gene ID*). O enriquecimento, independentemente da função utilizada, retorna um objeto com o resultado da análise, a qual está presente o campo *result* e pode ser extraída na forma de tabela.

5 *Resultados e Discussões*

Em *Python* construímos os modelos a partir da variável risco do tumor. Implementamos as técnicas de regressão logística, rede neural artificial com *multilayer perceptron*, *support vector machine* e árvore de decisão. Referente à seleção das *features*, utilizamos o métodos univariado, metanálise, *feature selection* e análise de expressão diferencial. À cada um dos modelos criados, utilizando uma dada técnica de aprendizado e uma determinada forma de seleção de *features*, fizemos dois tipos de balanceamento amostral. No primeiro, *oversampling*, utilizamos o algoritmo SMOTE. Já no segundo, *undersampling*, fizemos uso de funções base da linguagem para a amostragem randomizada do *label* com maior quantidade de elementos. Com isso, fomos capazes de gerar, ao todo, 1854 modelos, os quais podem ser observados pela Tabela B.1. Os percentuais de acurácia são elevados, enquanto os valores de área abaixo da curva acima de 90% mostram que ambos os modelos apresentam alta capacidade de distinção entre as classes da variável risco tumoral (alto e baixo risco).

Dentre os modelos encontrados, selecionamos, para discussão, os dois com maior acurácia. O primeiro, identificado como **Modelo 1**, utiliza a técnica de Regressão Logística, possui 32 *features* identificadas pelo método de *Feature Selection*, é balanceamento com o método *Over-sampling*, apresenta acurácia de 82,80% e Área sob a Curva ROC igual a 93,56%. Os transcritos (*features*) associados ele podem ser encontrados na Tabela A.1. O segundo, identificado como **Modelo 2**, utiliza a técnica de Regressão Logística, possui 51 *features* identificadas pelo método de *Feature Selection*, é balanceamento com o método *Undersampling*, apresenta acurácia de 84,08% e Área sob a Curva ROC igual a 95,39%. Os transcritos (*features*) associados ele podem ser encontrados na Tabela A.2.

Ainda com base na Tabela B.1, notamos que a técnica de Regressão Logística se mostrou mais eficiente, com 45 modelos com acurácia e área sob a curva ROC ultrapassando 80%. Embora os 3 melhores modelos de regressão apresentem *features* selecionadas pelo método *Feature Selection*, o método univariado permitiu que também encontrássemos transcritos que contribuíram para a criação de modelos de aprendizado com elevada acurácia, porém, as quantidades de transcritos associadas aos modelos sempre eram maiores que as encontradas pelo

método de *feature selection*. Quanto ao balanceamento amostral, observamos que existe uma alternância, com os métodos de *Oversampling* e *Undersampling* gerando modelos com nível de eficiência muito próximos.

Para melhor compreensão dos dois modelos selecionados, conduzimos uma análise de enriquecimento funcional com base em ontologias de processos biológicos (BP) do *Gene Ontology* (GO) e ontologias de bancos de dados de doenças, estas disponíveis por meio do pacote *DOSE* da linguagem de programação R.

No enriquecimento via GO, consideramos como significativos os grupos com p-valor ajustado (q-valor) inferior a 0,05. Os resultados do enriquecimento para os transcritos dos modelos 1 e 2 podem, respectivamente, ser visualizados, respectivamente, na Tabela C.1 e Tabela C.2. Damos destaque ao processo **ciclo celular mitótico (GO:0000278)** com a presença 3 transcritos do Modelo 1 e 4 transcritos do Modelo 2 (q-valores, respectivamente, iguais a 0,024 e 0,019). Conforme (SHI et al., 2022), genes associados à mitose são desregulados em vários tipos de câncer e exercem importantes papéis no que se refere à progressão da doença e resistência à quimioterapia de pacientes com Leucemia Mieloide Aguda.

Quanto ao enriquecimento a partir dos bancos de dados de doenças, encontramos ontologias significativas (q-valor menor do que 0.05) apenas para o Modelo 1, conforme a Tabela D.1, Tabela D.2 e Tabela D.3. Ao observarmos o resultado obtido a partir da base de dados DGN, encontramos os grupos Tireoidite Subaguda (C0040149, q-valor = 0,03826), Hipotireoidismo (C0020676, q-valor = 0,03885), Pseudohipoparatiroidismo (C3494506, q-valor = 0,04649), Hipotireoidismo Central (C0271801, q-valor = 0,04919) e Carcinoma Medular de Tireoide (C0238462, q-valor = 0,04919), mostrando que parte dos transcritos presentes na assinatura transcricional gerada por este modelo realmente estão envolvidos em doenças que afetam a tireoide.

6 Conclusão

Para a classificação do risco tumoral (alto ou baixo risco) em pacientes com câncer de tireoide, construímos 1854 modelos de aprendizado de máquina, implementando as técnicas de regressão logística, redes neurais artificiais com *multilayer perceptron*, árvore de decisão e *support vector machine*. As *features* (transcritos) para cada um dos modelos foram obtidas pelos métodos metanálise, *feature selection*, *univariate selection* e análise de expressão diferencial. Os conjuntos de treinamento foram balanceados pelas formas *oversampling* (SWMOTE) e *undersampling* (amostragem com redução do *label* majoritário). Afim de compreender melhor a biologia dos transcritos presentes nas assinaturas transcricionais dos modelos gerados, conduzimos um enriquecimento funcional com o *Gene Ontology*, em termos de *processos biológicos*, e com bancos de dados de doenças acessados a partir da biblioteca DOSE da linguagem R, de cada um dos grupos de transcritos (*features*) dos 2 modelos com maior percentual de acurácia.

Notamos que a melhor técnica para construção dos modelos foi a regressão logística com o método de seleção de *features* *feature selection* destacando 2 modelos. O primeiro, com 32 transcritos e balanceamento pela forma *Oversampling*, apresentando acurácia de 82,80% e Área sob a Curva ROC igual a 93,56%. O segundo, com 51 transcritos e balanceamento pela forma *Undersampling*, apresentando acurácia de 84,08% e Área sob a Curva ROC igual a 95,39%.

Sendo assim, com base nos resultados obtidos, vemos que o aprendizado de *máquina supervisionado* se mostrou uma ferramenta eficaz no processo de predição do alto risco tumoral em pacientes com câncer de tireoide, alcançando taxas de acurácia acima de 80%. Contudo, para elaborarmos um modelo mais confiável e que, eventualmente, possa ser empregado na rotina clínica como ferramenta auxiliar no planejamento do tratamento dos pacientes, precisamos ampliar o espaço amostral, testar novas formas de balanceamento e seleção de *features*, fazer uso de diferentes parâmetros nas funções geradoras dos modelos e conduzir uma análise biológica mais aprofundada acerca dos conjuntos de *features* utilizados.

Referências Bibliográficas

- ALEXA, A.; RAHNENFÜHRER, J. Gene set enrichment analysis with topgo. *Bioconductor Improv*, v. 27, 2009.
- BADR, W. *Having an imbalanced dataset? Here is how you can fix it*. 2019. <https://towardsdatascience.com/having-an-imbalanced-dataset-here-is-how-you-can-solve-it-1640568947eb>. Acessado em: 20-08-2022.
- BAELDUNG. *Multiclass Classification Using Support Vector Machines*. 2021. <https://www.baeldung.com/cs/svm-multiclass-classification#:~:text=In%20its%20most%20simple%20type,into%20multiple%20binary%20classification%20problems>. Acessado em: 19-09-2022.
- BALI, R. et al. *R: Unleash Machine Learning Techniques*. [S.l.]: Packt Publishing Ltd, 2016.
- BATISTA, G. E.; PRATI, R. C.; MONARD, M. C. A study of the behavior of several methods for balancing machine learning training data. *ACM SIGKDD explorations newsletter*, ACM New York, NY, USA, v. 6, n. 1, p. 20–29, 2004.
- BELFIORE, A. et al. Cancer risk in patients with cold thyroid nodules: relevance of iodine intake, sex, age, and multinodularity. *The American journal of medicine*, Elsevier, v. 93, n. 4, p. 363–369, 1992.
- BENVENGA, S. et al. Thyroid gland: anatomy and physiology. *Encyclopedia of Endocrine Diseases*, v. 4, p. 382–390, 2018.
- CARLSON, M. et al. org. hs. eg. db: Genome wide annotation for human. *R package version*, v. 3, n. 2, p. 3, 2019.
- CHA, Y. J.; KOO, J. S. Next-generation sequencing in thyroid cancer. *Journal of translational medicine*, Springer, v. 14, n. 1, p. 1–10, 2016.
- COOPER, H. M. Statistically combining independent studies: A meta-analysis of sex differences in conformity research. *Journal of personality and social psychology*, American Psychological Association, v. 37, n. 1, p. 131, 1979.
- CORTES, C.; VAPNIK, V. Support-vector networks. *Machine learning*, Springer, v. 20, n. 3, p. 273–297, 1995.
- IBM. *What is a decision tree?* 2022. <https://www.ibm.com/topics/decision-trees>. Acessado em: 19-08-2022.

- INSTITUTE, E. B. *Differential Expression analysis*. 2022. <https://www.ebi.ac.uk/training/online/courses/functional-genomics-ii-common-technologies-and-data-analysis-methods/rna-sequencing/performing-a-rna-seq-experiment/data-analysis/differential-gene-expression-analysis/#:~:text=Differential%20expression%20analysis%20means%20taking,expression%20levels%20between%20experimental%20groups>. Acessado em: 05-11-2022.
- LANGFELDER, P.; HORVATH, S. Wgcna: an r package for weighted correlation network analysis. *BMC bioinformatics*, Springer, v. 9, n. 1, p. 559, 2008.
- MAENHAUT, C. et al. Ontogeny, anatomy, metabolism and physiology of the thyroid. *Endotext [Internet]*, MDText. com, Inc., 2015.
- MEYER, D.; WIEN, F. Support vector machines. *The Interface to libsvm in package e1071*, v. 28, p. 20, 2015.
- MICHALOS, A. C. *Encyclopedia of quality of life and well-being research*. [S.l.]: Springer Netherlands Dordrecht, 2014. 302-308 p.
- MOHAMMED, R.; RAWASHDEH, J.; ABDULLAH, M. Machine learning with oversampling and undersampling techniques: overview study and experimental results. In: IEEE. *2020 11th international conference on information and communication systems (ICICS)*. [S.l.], 2020. p. 243–248.
- NAQA, I. E.; MURPHY, M. J. What is machine learning? In: *machine learning in radiation oncology*. [S.l.]: Springer, 2015. p. 3–11.
- NICK, T. G.; CAMPBELL, K. M. Logistic regression. *Topics in biostatistics*, Springer, p. 273–301, 2007.
- NIKIFOROV, Y. E.; NIKIFOROVA, M. N. Molecular genetics and diagnosis of thyroid cancer. *Nature Reviews Endocrinology*, Nature Publishing Group, v. 7, n. 10, p. 569–580, 2011.
- NIX, P.; NICOLAIDES, A.; COATESWORTH, A. Thyroid cancer review 1: presentation and investigation of thyroid cancer. *International journal of clinical practice*, Wiley Online Library, v. 59, n. 11, p. 1340–1344, 2005.
- NORIEGA, L. Multilayer perceptron tutorial. *School of Computing. Staffordshire University*, Citeseer, 2005.
- PEIXOTO, F. A simple overview of Multilayer Perceptron (MLP). [S.l.]: Analytics Vidhya, 2020. <https://www.analyticsvidhya.com/blog/2020/12/mlp-multilayer-perceptron-simple-overview/#>. Acessado em: 19-08-2022.
- ROBINSON, M. D.; MCCARTHY, D. J.; SMYTH, G. K. edgeR: a bioconductor package for differential expression analysis of digital gene expression data. *bioinformatics*, Oxford University Press, v. 26, n. 1, p. 139–140, 2010.
- SHAH, J. P. Thyroid carcinoma: epidemiology, histology, and diagnosis. *Clinical advances in hematology & oncology: H&O*, NIH Public Access, v. 13, n. 4 Suppl 4, p. 3, 2015.

SHI, M. et al. Upregulated mitosis-associated genes cenpe, cenpf, and dlga5 predict poor prognosis and chemotherapy resistance of acute myeloid leukemia. *Cancer Biomarkers*, IOS Press, v. 35, n. 1, p. 11–25, 2022.

SMYTH, G. K. Limma: linear models for microarray data. In: *Bioinformatics and computational biology solutions using R and Bioconductor*. [S.l.]: Springer, 2005. p. 397–420.

SPICEWORKS. *What is Logistic Regression? Equation, Assumptions, Types and Best Practices*. 2022. <https://www.spiceworks.com/tech/artificial-intelligence/articles/what-is-logistic-regression/>. Acessado em: 19-09-2022.

SPRENT, P. Fisher exact test. In: *International encyclopedia of statistical science*. [S.l.]: Springer, 2011. p. 524–525.

STOUFFER, S. A. et al. The american soldier: Adjustment during army life.(studies in social psychology in world war ii), vol. 1. Princeton Univ. Press, 1949.

SUBRAMANIAN, A. et al. Gene set enrichment analysis: a knowledge-based approach for interpreting genome-wide expression profiles. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, National Acad Sciences, v. 102, n. 43, p. 15545–15550, 2005.

TOMCZAK, K.; CZERWIŃSKA, P.; WIZNEROWICZ, M. Review the cancer genome atlas (tcga): an immeasurable source of knowledge. *Contemporary Oncology/Współczesna Onkologia*, Termedia, v. 2015, n. 1, p. 68–77, 2015.

WU, Y. et al. Machine learning algorithms for the prediction of central lymph node metastasis in patients with papillary thyroid cancer. *Frontiers in endocrinology*, Frontiers Media SA, v. 11, p. 577537, 2020.

YANG, C. Q. et al. Creating prognostic systems for well-differentiated thyroid cancer using machine learning. *Frontiers in endocrinology*, Frontiers Media SA, v. 10, p. 288, 2019.

YU, G. et al. Dose: an r/bioconductor package for disease ontology semantic and enrichment analysis. *Bioinformatics*, Oxford University Press, v. 31, n. 4, p. 608–609, 2015.

***APÊNDICE A – Transcritos presentes nas
assinaturas dos dois modelos de
maior acurácia***

Tabela A.1: Transcritos presentes na assinatura obtida pelo modelo de Regressão Logística com 32 *features* identificados em *Selection* e balanceamento do tipo *Oversampling*, com acurácia de 82,80% e Área sob a Curva ROC igual a 93,4%. Todos os *Ensemble IDs* foram identificados pela biblioteca *GO.db* em linguagem R. Dessa forma, a definição e nomenclatura para *Gene Symbol* é apresentada parcialmente.

Gene Symbol	ENSEMBL ID	Definição
ST3GAL1	ENSG00000008513	ST3 beta-galactoside alpha-2,3-sialyl transferase
FOLH1	ENSG000000086205	folate hydrolase 1
AURKC	ENSG000000105146	aurora kinase C
HAMP	ENSG000000105697	hepcidin antimicrobial peptide
POMC	ENSG000000115138	proopiomelanocortin
NEURL2	ENSG000000124257	neuralized E3 ubiquitin protein ligase 2
RPS4Y1	ENSG000000129824	ribosomal protein S4 Y-link
MCHR2	ENSG000000152034	melanin concentrating hormone receptor 2
GJA1	ENSG000000152661	gap junction protein alpha 1
TMSB4Y	ENSG000000154620	thymosin beta 4 Y-linked
CDK1	ENSG000000170312	cyclin dependent kinase 2
EIF1AY	ENSG000000198692	eukaryotic translation initiation factor 1A Y-linked
—	ENSG000000170312	—
—	ENSG000000178163	—
—	ENSG000000227534	—
—	ENSG000000228826	—
—	ENSG000000229857	—
—	ENSG000000233891	—
—	ENSG000000235026	—
—	ENSG000000240280	—
—	ENSG000000250302	—

Continua na próxima página ...

Tabela A.1 – *Continuação da página anterior*

Gene Symbol	ENSEMBL ID	Definição
—	ENSG000000253329	—
—	ENSG000000259793	—
—	ENSG000000259907	—
—	ENSG000000261427	—
—	ENSG000000261440	—
—	ENSG000000262031	—
—	ENSG000000264256	—
—	ENSG000000264869	—
—	ENSG000000269210	—
—	ENSG000000275691	—
—	ENSG000000278420	—

Tabela A.2: Transcritos presentes na assinatura obtida pelo modelo de Regressão Logística com 51 *features* identificados por *Selection* e balanceamento do tipo *Undersampling*, com acurácia de 84,08% e Área sob a Curva ROC igual a 92%. As *IDs* foram identificados pela biblioteca *GO.db* em linguagem R. Dessa forma, a definição dos transcritos e conversão para *Symbol* é apresentada parcialmente.

Gene Symbol	ENSEMBL ID	Definição
PNPLA4	ENSG00000006757	patatin like phospholipase domain c
ST3GAL1	ENSG00000008513	ST3 beta-galactoside alpha-2,3-sialyl
FOLH1	ENSG000000086205	folate hydrolase 1
AURKC	ENSG00000105146	aurora kinase C
HAMP	ENSG00000105697	hepcidin antimicrobial pep
POMC	ENSG00000115138	proopiomelanocortin
NEURL2	ENSG00000124257	neuralized E3 ubiquitin protein
RPS4Y1	ENSG00000129824	ribosomal protein S4 Y-link
MCHR2	ENSG00000152034	melanin concentrating hormone r
GIA1	ENSG00000152661	gap junction protein alpha
TMSB4Y	ENSG00000154620	thymosin beta 4 Y-link
IVL	ENSG00000163207	involucrin
CDK1	ENSG00000170312	cyclin dependent kinase
LCE1D	ENSG00000172155	late cornified envelope 1H
KCNE3	ENSG00000175538	potassium voltage-gated channel subfamily E
PGBD5	ENSG00000177614	piggyBac transposable element c
ZNF664-RFLNA	ENSG00000178882	ZNF664-RFLNA readthrou
MST1L	ENSG00000186715	macrophage stimulating 1 like (ps
EIF1AY	ENSG00000198692	eukaryotic translation initiation facto
PPP1R10	ENSG00000204569	protein phosphatase 1 regulatory s
—	ENSG00000164112	—

Continua na próxima página ...

Tabela A.2 – Continuação da página anterior

Gene Symbol	ENSEMBL ID	Definição
—	ENSG00000167390	—
—	ENSG00000172731	—
—	ENSG00000178163	—
—	ENSG00000182632	—
—	ENSG00000226829	—
—	ENSG00000227534	—
—	ENSG00000228826	—
—	ENSG00000229857	—
—	ENSG00000233085	—
—	ENSG00000233357	—
—	ENSG00000233891	—
—	ENSG00000235026	—
—	ENSG00000237125	—
—	ENSG00000240280	—
—	ENSG00000250302	—
—	ENSG00000252272	—
—	ENSG00000253329	—
—	ENSG00000254654	—
—	ENSG00000259793	—
—	ENSG00000259907	—
—	ENSG00000261427	—
—	ENSG00000261440	—
—	ENSG00000262031	—
—	ENSG00000264256	—

Continua na próxima página ...

Tabela A.2 – Continuação da página anterior

Gene Symbol	ENSEMBL ID	Definição
—	ENSG00000264869	—
—	ENSG00000265863	—
—	ENSG00000267470	—
—	ENSG00000269210	—
—	ENSG00000275691	—
—	ENSG00000278420	—

***APÊNDICE B – Modelos de aprendizado de
máquina construídos em linguagem
Python***

Tabela B.1: Relação dos modelos de aprendizado de máquina criados em linguagem *Python*. A coluna *Modelo* (regressão logística, *support vector machine*, rede neural ou árvore de decisão). A **Seleção de Features** consiste na escolha dos transcritos (FTS = *Feature Selection*, UNV = Univariado, análise de expressão diferencial ou metanálise à maneira como o conjunto de dados foi balanceado (*Undersampling* ou *Oversampling*). A **Acurácia** mostra o desempenho quando testado em dados distintos do treinamento, enquanto **AUC** (*Area Under Curve*) apresenta a capacidade de discriminar classes distintas (Alto ou Baixo risco) com base na curva **ROC**.

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
regressao_logistica	FTS	51	UNDER
regressao_logistica	FTS	51	OVER
regressao_logistica	FTS	32	OVER
support_vector	FTS	51	OVER
support_vector	FTS	51	OVER
support_vector	FTS	51	UNDER
regressao_logistica	FTS	51	UNDER
regressao_logistica	UNV	379	UNDER
regressao_logistica	UNV	217	OVER
regressao_logistica	UNV	408	UNDER
regressao_logistica	UNV	213	OVER
regressao_logistica	UNV	376	UNDER
regressao_logistica	UNV	230	OVER
regressao_logistica	UNV	368	UNDER
regressao_logistica	UNV	226	OVER
regressao_logistica	UNV	160	OVER
regressao_logistica	UNV	259	OVER
regressao_logistica	UNV	176	OVER
regressao_logistica	UNV	150	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
regressao_logistica	UNV	223	OVER
regressao_logistica	UNV	144	OVER
regressao_logistica	UNV	271	OVER
regressao_logistica	UNV	234	OVER
regressao_logistica	UNV	176	OVER
regressao_logistica	UNV	243	OVER
regressao_logistica	UNV	384	UNDER
regressao_logistica	UNV	190	OVER
regressao_logistica	UNV	421	UNDER
regressao_logistica	UNV	960	OVER
regressao_logistica	UNV	131	OVER
regressao_logistica	UNV	139	OVER
regressao_logistica	UNV	379	OVER
regressao_logistica	UNV	209	OVER
regressao_logistica	UNV	158	OVER
regressao_logistica	UNV	368	OVER
regressao_logistica	UNV	188	OVER
regressao_logistica	UNV	170	OVER
regressao_logistica	UNV	273	OVER
regressao_logistica	UNV	290	OVER
regressao_logistica	UNV	252	OVER
regressao_logistica	UNV	230	OVER
regressao_logistica	UNV	200	OVER
regressao_logistica	UNV	193	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balancamento
regressao_logistica	UNV	391	UNDER
regressao_logistica	UNV	410	UNDER
regressao_logistica	UNV	417	UNDER
regressao_logistica	UNV	970	OVER
regressao_logistica	UNV	397	UNDER
regressao_logistica	UNV	384	UNDER
regressao_logistica	FTS	32	UNDER
regressao_logistica	UNV	148	OVER
regressao_logistica	UNV	270	OVER
regressao_logistica	UNV	384	OVER
regressao_logistica	UNV	336	OVER
regressao_logistica	UNV	342	OVER
regressao_logistica	UNV	340	OVER
regressao_logistica	UNV	167	OVER
regressao_logistica	UNV	282	OVER
regressao_logistica	UNV	269	OVER
regressao_logistica	UNV	207	OVER
regressao_logistica	UNV	384	UNDER
regressao_logistica	UNV	240	OVER
regressao_logistica	UNV	279	OVER
regressao_logistica	UNV	360	OVER
regressao_logistica	UNV	331	OVER
regressao_logistica	UNV	288	OVER
regressao_logistica	UNV	345	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
regressao_logistica	UNV	180	OVER
regressao_logistica	UNV	256	OVER
regressao_logistica	UNV	408	OVER
regressao_logistica	UNV	417	OVER
regressao_logistica	UNV	328	OVER
regressao_logistica	UNV	262	OVER
regressao_logistica	UNV	437	OVER
regressao_logistica	UNV	405	OVER
regressao_logistica	UNV	189	OVER
regressao_logistica	UNV	440	OVER
regressao_logistica	UNV	80	OVER
regressao_logistica	UNV	396	UNDER
regressao_logistica	UNV	391	UNDER
regressao_logistica	UNV	50	OVER
regressao_logistica	UNV	431	UNDER
regressao_logistica	UNV	980	OVER
regressao_logistica	UNV	990	OVER
regressao_logistica	UNV	32	OVER
regressao_logistica	UNV	376	UNDER
regressao_logistica	UNV	385	UNDER
regressao_logistica	UNV	304	OVER
regressao_logistica	UNV	142	OVER
regressao_logistica	UNV	162	OVER
regressao_logistica	UNV	345	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balancamento
regressao_logistica	UNV	452	OVER
regressao_logistica	UNV	376	OVER
regressao_logistica	UNV	447	OVER
regressao_logistica	UNV	260	OVER
regressao_logistica	UNV	367	OVER
regressao_logistica	UNV	365	OVER
regressao_logistica	UNV	366	OVER
regressao_logistica	UNV	410	OVER
regressao_logistica	UNV	421	OVER
regressao_logistica	UNV	274	OVER
regressao_logistica	UNV	237	OVER
regressao_logistica	UNV	176	OVER
regressao_logistica	UNV	250	OVER
regressao_logistica	UNV	265	OVER
regressao_logistica	UNV	400	OVER
regressao_logistica	UNV	309	OVER
regressao_logistica	UNV	181	OVER
regressao_logistica	UNV	387	UNDER
regressao_logistica	UNV	90	OVER
regressao_logistica	UNV	940	OVER
regressao_logistica	UNV	480	OVER
regressao_logistica	UNV	387	OVER
regressao_logistica	UNV	226	UNDER
regressao_logistica	UNV	213	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
regressao_logistica	UNV	230	UNDER
regressao_logistica	UNV	309	OVER
regressao_logistica	UNV	405	UNDER
regressao_logistica	UNV	230	UNDER
regressao_logistica	UNV	400	UNDER
regressao_logistica	UNV	437	UNDER
regressao_logistica	UNV	1000	OVER
regressao_logistica	UNV	40	OVER
regressao_logistica	UNV	71	OVER
regressao_logistica	UNV	76	OVER
regressao_logistica	UNV	401	UNDER
regressao_logistica	UNV	452	UNDER
regressao_logistica	UNV	447	UNDER
regressao_logistica	UNV	412	UNDER
regressao_logistica	FTS	31	OVER
regressao_logistica	UNV	308	OVER
regressao_logistica	UNV	351	OVER
regressao_logistica	UNV	263	OVER
regressao_logistica	UNV	319	OVER
regressao_logistica	UNV	230	OVER
regressao_logistica	UNV	30	OVER
regressao_logistica	UNV	323	OVER
regressao_logistica	UNV	357	OVER
regressao_logistica	UNV	220	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
regressao_logistica	UNV	291	OVER
regressao_logistica	UNV	277	OVER
regressao_logistica	UNV	172	OVER
regressao_logistica	UNV	396	OVER
regressao_logistica	UNV	187	OVER
regressao_logistica	UNV	110	OVER
regressao_logistica	UNV	500	OVER
regressao_logistica	UNV	384	OVER
regressao_logistica	UNV	210	OVER
regressao_logistica	UNV	431	OVER
regressao_logistica	UNV	237	UNDER
regressao_logistica	UNV	462	OVER
regressao_logistica	UNV	285	OVER
regressao_logistica	UNV	490	OVER
regressao_logistica	UNV	288	OVER
regressao_logistica	UNV	510	OVER
regressao_logistica	UNV	660	OVER
regressao_logistica	UNV	540	OVER
regressao_logistica	UNV	470	OVER
regressao_logistica	UNV	300	OVER
regressao_logistica	UNV	148	UNDER
regressao_logistica	UNV	930	OVER
regressao_logistica	UNV	400	OVER
regressao_logistica	UNV	185	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanciamento
regressao_logistica	UNV	326	OVER
regressao_logistica	UNV	310	OVER
regressao_logistica	UNV	920	OVER
regressao_logistica	UNV	297	OVER
regressao_logistica	UNV	360	OVER
regressao_logistica	UNV	460	OVER
regressao_logistica	UNV	910	OVER
regressao_logistica	UNV	950	OVER
regressao_logistica	UNV	234	UNDER
regressao_logistica	UNV	97	OVER
regressao_logistica	UNV	440	UNDER
regressao_logistica	UNV	340	OVER
regressao_logistica	UNV	580	OVER
regressao_logistica	UNV	400	OVER
regressao_logistica	UNV	49	OVER
regressao_logistica	UNV	176	UNDER
regressao_logistica	UNV	92	OVER
regressao_logistica	UNV	45	OVER
regressao_logistica	UNV	53	OVER
regressao_logistica	UNV	48	OVER
regressao_logistica	UNV	456	UNDER
regressao_logistica	UNV	400	UNDER
regressao_logistica	UNV	460	UNDER
regressao_logistica	UNV	294	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balancamento
regressao_logistica	UNV	212	OVER
regressao_logistica	UNV	397	OVER
regressao_logistica	UNV	355	UNDER
regressao_logistica	UNV	375	OVER
regressao_logistica	UNV	355	OVER
regressao_logistica	UNV	360	UNDER
regressao_logistica	UNV	308	UNDER
regressao_logistica	UNV	383	OVER
regressao_logistica	UNV	361	OVER
regressao_logistica	UNV	100	OVER
regressao_logistica	UNV	291	OVER
regressao_logistica	UNV	280	OVER
regressao_logistica	UNV	367	UNDER
regressao_logistica	UNV	183	OVER
regressao_logistica	UNV	366	UNDER
regressao_logistica	UNV	30	UNDER
regressao_logistica	UNV	365	UNDER
regressao_logistica	UNV	126	OVER
regressao_logistica	UNV	288	UNDER
regressao_logistica	UNV	162	OVER
regressao_logistica	UNV	391	OVER
regressao_logistica	UNV	436	OVER
regressao_logistica	UNV	630	OVER
regressao_logistica	UNV	352	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
regressao_logistica	UNV	123	OVER
regressao_logistica	UNV	291	UNDER
regressao_logistica	UNV	670	OVER
regressao_logistica	UNV	850	OVER
regressao_logistica	UNV	840	OVER
regressao_logistica	UNV	357	OVER
regressao_logistica	UNV	860	OVER
regressao_logistica	UNV	391	OVER
regressao_logistica	UNV	610	OVER
regressao_logistica	UNV	830	OVER
regressao_logistica	UNV	140	OVER
regressao_logistica	UNV	680	OVER
regressao_logistica	UNV	620	OVER
regressao_logistica	UNV	336	OVER
regressao_logistica	UNV	209	UNDER
regressao_logistica	UNV	520	OVER
regressao_logistica	UNV	70	OVER
regressao_logistica	UNV	320	OVER
regressao_logistica	UNV	560	OVER
regressao_logistica	UNV	170	UNDER
regressao_logistica	UNV	430	OVER
regressao_logistica	UNV	410	OVER
regressao_logistica	UNV	265	UNDER
regressao_logistica	UNV	180	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
regressao_logistica	UNV	243	UNDER
regressao_logistica	UNV	550	OVER
regressao_logistica	UNV	800	OVER
regressao_logistica	UNV	330	OVER
regressao_logistica	UNV	162	UNDER
regressao_logistica	UNV	111	OVER
regressao_logistica	UNV	380	OVER
regressao_logistica	UNV	420	OVER
regressao_logistica	UNV	530	OVER
regressao_logistica	UNV	72	OVER
regressao_logistica	UNV	200	UNDER
regressao_logistica	UNV	900	OVER
regressao_logistica	UNV	172	UNDER
regressao_logistica	UNV	167	UNDER
regressao_logistica	UNV	450	OVER
regressao_logistica	UNV	740	OVER
regressao_logistica	UNV	750	OVER
regressao_logistica	UNV	95	UNDER
regressao_logistica	UNV	104	OVER
regressao_logistica	UNV	570	OVER
regressao_logistica	UNV	80	OVER
regressao_logistica	UNV	85	OVER
regressao_logistica	UNV	100	OVER
regressao_logistica	UNV	440	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balancamento
regressao_logistica	UNV	150	UNDER
regressao_logistica	UNV	92	UNDER
regressao_logistica	UNV	38	OVER
regressao_logistica	UNV	28	OVER
regressao_logistica	UNV	75	OVER
regressao_logistica	UNV	86	OVER
regressao_logistica	UNV	212	UNDER
regressao_logistica	UNV	39	OVER
regressao_logistica	UNV	81	OVER
regressao_logistica	UNV	310	UNDER
regressao_logistica	UNV	320	UNDER
regressao_logistica	UNV	340	UNDER
regressao_logistica	UNV	371	UNDER
regressao_logistica	UNV	436	UNDER
regressao_logistica	UNV	431	UNDER
arvore_decisao	FTS	51	UNDER
arvore_decisao	FTS	51	UNDER
redes_neurais	FTS	51	UNDER
redes_neurais	FTS	51	UNDER
regressao_logistica	UNV	232	OVER
regressao_logistica	UNV	220	OVER
regressao_logistica	UNV	220	OVER
regressao_logistica	UNV	385	OVER
regressao_logistica	UNV	254	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
regressao_logistica	UNV	155	OVER
regressao_logistica	UNV	146	OVER
regressao_logistica	UNV	376	OVER
regressao_logistica	UNV	40	OVER
regressao_logistica	UNV	227	OVER
regressao_logistica	UNV	231	OVER
regressao_logistica	UNV	371	OVER
regressao_logistica	UNV	239	OVER
regressao_logistica	UNV	215	OVER
regressao_logistica	UNV	365	OVER
regressao_logistica	UNV	340	UNDER
regressao_logistica	UNV	250	OVER
regressao_logistica	UNV	319	UNDER
regressao_logistica	UNV	323	UNDER
regressao_logistica	UNV	328	OVER
regressao_logistica	UNV	650	OVER
regressao_logistica	UNV	700	OVER
regressao_logistica	UNV	690	OVER
regressao_logistica	UNV	271	OVER
regressao_logistica	UNV	285	OVER
regressao_logistica	UNV	22	OVER
regressao_logistica	UNV	23	OVER
regressao_logistica	UNV	429	OVER
regressao_logistica	UNV	323	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balancamento
regressao_logistica	UNV	207	UNDER
regressao_logistica	UNV	770	OVER
regressao_logistica	UNV	880	OVER
regressao_logistica	UNV	590	OVER
regressao_logistica	UNV	104	OVER
regressao_logistica	UNV	271	UNDER
regressao_logistica	UNV	285	UNDER
regressao_logistica	UNV	870	OVER
regressao_logistica	UNV	118	OVER
regressao_logistica	UNV	110	OVER
regressao_logistica	UNV	252	UNDER
regressao_logistica	UNV	390	OVER
regressao_logistica	UNV	890	OVER
regressao_logistica	UNV	370	OVER
regressao_logistica	UNV	193	UNDER
regressao_logistica	UNV	350	OVER
regressao_logistica	UNV	158	UNDER
regressao_logistica	UNV	317	OVER
regressao_logistica	UNV	123	UNDER
regressao_logistica	UNV	110	UNDER
regressao_logistica	UNV	60	OVER
regressao_logistica	UNV	760	OVER
regressao_logistica	UNV	217	UNDER
regressao_logistica	UNV	55	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
regressao_logistica	UNV	70	UNDER
regressao_logistica	UNV	50	UNDER
regressao_logistica	UNV	174	UNDER
regressao_logistica	UNV	220	UNDER
regressao_logistica	UNV	215	UNDER
regressao_logistica	UNV	60	UNDER
regressao_logistica	UNV	55	UNDER
regressao_logistica	UNV	300	UNDER
regressao_logistica	UNV	350	UNDER
regressao_logistica	UNV	330	UNDER
regressao_logistica	UNV	462	UNDER
regressao_logistica	UNV	900	UNDER
regressao_logistica	UNV	408	UNDER
regressao_logistica	UNV	154	OVER
regressao_logistica	UNV	351	UNDER
regressao_logistica	UNV	124	OVER
regressao_logistica	UNV	257	OVER
regressao_logistica	UNV	259	OVER
regressao_logistica	UNV	132	OVER
regressao_logistica	UNV	192	OVER
regressao_logistica	UNV	304	UNDER
regressao_logistica	UNV	401	OVER
regressao_logistica	UNV	376	OVER
regressao_logistica	UNV	340	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balancamento
regressao_logistica	UNV	342	UNDER
regressao_logistica	UNV	336	UNDER
regressao_logistica	UNV	331	UNDER
regressao_logistica	UNV	120	OVER
regressao_logistica	UNV	328	UNDER
regressao_logistica	UNV	456	OVER
regressao_logistica	UNV	294	UNDER
regressao_logistica	UNV	780	OVER
regressao_logistica	UNV	174	OVER
regressao_logistica	UNV	120	OVER
regressao_logistica	UNV	640	OVER
regressao_logistica	UNV	282	UNDER
regressao_logistica	UNV	95	OVER
regressao_logistica	UNV	417	OVER
regressao_logistica	UNV	820	OVER
regressao_logistica	UNV	333	OVER
regressao_logistica	UNV	117	OVER
regressao_logistica	UNV	425	OVER
regressao_logistica	UNV	279	UNDER
regressao_logistica	UNV	790	OVER
regressao_logistica	UNV	710	OVER
regressao_logistica	UNV	412	OVER
regressao_logistica	UNV	256	UNDER
regressao_logistica	UNV	259	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
regressao_logistica	UNV	139	UNDER
regressao_logistica	UNV	720	OVER
regressao_logistica	UNV	99	OVER
regressao_logistica	UNV	408	OVER
regressao_logistica	UNV	730	OVER
regressao_logistica	UNV	131	UNDER
regressao_logistica	UNV	262	UNDER
regressao_logistica	UNV	40	UNDER
regressao_logistica	UNV	250	UNDER
regressao_logistica	UNV	210	UNDER
regressao_logistica	UNV	117	UNDER
regressao_logistica	UNV	111	UNDER
regressao_logistica	UNV	188	UNDER
regressao_logistica	UNV	223	UNDER
regressao_logistica	UNV	108	OVER
regressao_logistica	UNV	190	UNDER
regressao_logistica	UNV	230	UNDER
regressao_logistica	UNV	176	UNDER
regressao_logistica	UNV	140	UNDER
regressao_logistica	UNV	99	UNDER
regressao_logistica	UNV	89	OVER
regressao_logistica	UNV	110	OVER
regressao_logistica	UNV	64	OVER
regressao_logistica	UNV	63	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
regressao_logistica	UNV	212	UNDER
regressao_logistica	UNV	260	UNDER
regressao_logistica	UNV	29	OVER
regressao_logistica	UNV	80	UNDER
regressao_logistica	UNV	280	UNDER
regressao_logistica	UNV	33	OVER
regressao_logistica	UNV	227	UNDER
regressao_logistica	UNV	400	UNDER
regressao_logistica	UNV	383	UNDER
regressao_logistica	UNV	365	UNDER
regressao_logistica	UNV	890	UNDER
regressao_logistica	UNV	425	UNDER
arvore_decisao	UNV	420	OVER
arvore_decisao	UNV	420	OVER
redes_neurais	UNV	420	OVER
redes_neurais	UNV	420	OVER
regressao_logistica	UNV	384	OVER
regressao_logistica	UNV	212	OVER
regressao_logistica	UNV	431	OVER
regressao_logistica	UNV	167	OVER
regressao_logistica	UNV	144	UNDER
regressao_logistica	UNV	130	OVER
regressao_logistica	UNV	600	OVER
regressao_logistica	UNV	810	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanciamento
regressao_logistica	UNV	273	UNDER
regressao_logistica	UNV	220	UNDER
regressao_logistica	UNV	240	UNDER
regressao_logistica	UNV	104	UNDER
regressao_logistica	UNV	160	UNDER
regressao_logistica	UNV	154	UNDER
regressao_logistica	UNV	126	UNDER
regressao_logistica	UNV	97	UNDER
regressao_logistica	UNV	22	UNDER
regressao_logistica	UNV	23	UNDER
regressao_logistica	UNV	55	OVER
regressao_logistica	UNV	80	UNDER
regressao_logistica	UNV	104	UNDER
regressao_logistica	UNV	187	UNDER
regressao_logistica	UNV	232	UNDER
regressao_logistica	UNV	259	UNDER
regressao_logistica	UNV	51	OVER
regressao_logistica	UNV	290	UNDER
regressao_logistica	UNV	75	UNDER
regressao_logistica	UNV	189	UNDER
regressao_logistica	UNV	181	UNDER
regressao_logistica	UNV	185	UNDER
regressao_logistica	UNV	360	UNDER
regressao_logistica	UNV	39	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
regressao_logistica	UNV	86	UNDER
regressao_logistica	UNV	51	UNDER
regressao_logistica	UNV	269	UNDER
regressao_logistica	UNV	380	UNDER
regressao_logistica	UNV	370	UNDER
regressao_logistica	UNV	490	UNDER
regressao_logistica	UNV	390	UNDER
regressao_logistica	UNV	480	UNDER
regressao_logistica	UNV	376	UNDER
regressao_logistica	UNV	429	UNDER
arvore_decisao	UNV	30	OVER
arvore_decisao	UNV	30	OVER
redes_neurais	UNV	30	OVER
redes_neurais	UNV	30	OVER
regressao_logistica	UNV	345	UNDER
regressao_logistica	UNV	245	OVER
regressao_logistica	UNV	460	OVER
regressao_logistica	UNV	101	OVER
regressao_logistica	UNV	165	OVER
regressao_logistica	UNV	146	UNDER
regressao_logistica	UNV	250	UNDER
regressao_logistica	UNV	270	UNDER
regressao_logistica	UNV	183	UNDER
regressao_logistica	UNV	100	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
regressao_logistica	UNV	72	UNDER
regressao_logistica	UNV	176	UNDER
regressao_logistica	UNV	239	UNDER
regressao_logistica	UNV	257	UNDER
regressao_logistica	UNV	162	UNDER
regressao_logistica	UNV	55	UNDER
regressao_logistica	UNV	220	UNDER
regressao_logistica	UNV	254	UNDER
regressao_logistica	UNV	167	UNDER
regressao_logistica	UNV	66	UNDER
regressao_logistica	UNV	960	UNDER
regressao_logistica	UNV	317	UNDER
regressao_logistica	UNV	71	UNDER
regressao_logistica	UNV	274	UNDER
regressao_logistica	UNV	450	UNDER
regressao_logistica	UNV	460	UNDER
regressao_logistica	UNV	470	UNDER
regressao_logistica	UNV	76	UNDER
regressao_logistica	UNV	880	UNDER
regressao_logistica	UNV	375	UNDER
suport_vector	UNV	240	OVER
suport_vector	UNV	240	OVER
arvore_decisao	UNV	620	OVER
arvore_decisao	UNV	620	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balancamento
redes_neurais	UNV	620	OVER
redes_neurais	UNV	620	OVER
regressao_logistica	FTS	31	UNDER
regressao_logistica	UNV	199	OVER
regressao_logistica	UNV	90	UNDER
regressao_logistica	UNV	66	OVER
regressao_logistica	UNV	142	UNDER
regressao_logistica	UNV	101	UNDER
regressao_logistica	UNV	62	OVER
regressao_logistica	UNV	155	UNDER
regressao_logistica	UNV	277	UNDER
regressao_logistica	UNV	199	UNDER
regressao_logistica	UNV	85	UNDER
regressao_logistica	UNV	410	UNDER
regressao_logistica	UNV	53	UNDER
regressao_logistica	UNV	309	UNDER
regressao_logistica	UNV	980	UNDER
regressao_logistica	UNV	970	UNDER
regressao_logistica	UNV	38	UNDER
regressao_logistica	UNV	231	UNDER
regressao_logistica	UNV	297	UNDER
regressao_logistica	UNV	357	UNDER
regressao_logistica	UNV	930	UNDER
regressao_logistica	UNV	440	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
regressao_logistica	UNV	920	UNDER
regressao_logistica	UNV	352	UNDER
regressao_logistica	UNV	500	UNDER
regressao_logistica	UNV	910	UNDER
regressao_logistica	UNV	81	UNDER
regressao_logistica	UNV	860	UNDER
regressao_logistica	UNV	530	UNDER
regressao_logistica	UNV	830	UNDER
regressao_logistica	UNV	820	UNDER
regressao_logistica	UNV	810	UNDER
regressao_logistica	UNV	800	UNDER
regressao_logistica	UNV	790	UNDER
regressao_logistica	UNV	417	UNDER
arvore_decisao	UNV	70	OVER
arvore_decisao	UNV	70	OVER
redes_neurais	UNV	70	OVER
redes_neurais	UNV	70	OVER
support_vector	UNV	180	OVER
support_vector	UNV	180	OVER
support_vector	UNV	200	OVER
support_vector	UNV	200	OVER
support_vector	UNV	210	OVER
support_vector	UNV	210	OVER
support_vector	UNV	170	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
support_vector	UNV	170	OVER
support_vector	UNV	140	OVER
support_vector	UNV	140	OVER
support_vector	UNV	100	OVER
support_vector	UNV	100	OVER
support_vector	UNV	80	OVER
support_vector	UNV	80	OVER
support_vector	UNV	80	OVER
support_vector	UNV	60	OVER
support_vector	UNV	60	OVER
arvore_decisao	UNV	610	OVER
arvore_decisao	UNV	610	OVER
redes_neurais	UNV	610	OVER
redes_neurais	UNV	610	OVER
arvore_decisao	UNV	70	UNDER
arvore_decisao	UNV	70	UNDER
redes_neurais	UNV	70	UNDER
redes_neurais	UNV	70	UNDER
regressao_logistica	UNV	124	UNDER
regressao_logistica	UNV	110	UNDER
regressao_logistica	UNV	132	UNDER
regressao_logistica	UNV	192	UNDER
regressao_logistica	UNV	263	UNDER
regressao_logistica	UNV	165	UNDER
regressao_logistica	UNV	62	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
regressao_logistica	UNV	48	UNDER
regressao_logistica	UNV	28	UNDER
regressao_logistica	UNV	990	UNDER
regressao_logistica	UNV	420	UNDER
regressao_logistica	UNV	245	UNDER
regressao_logistica	UNV	950	UNDER
regressao_logistica	UNV	288	UNDER
regressao_logistica	UNV	29	UNDER
regressao_logistica	UNV	940	UNDER
regressao_logistica	UNV	1000	UNDER
regressao_logistica	UNV	510	UNDER
regressao_logistica	UNV	840	UNDER
regressao_logistica	UNV	850	UNDER
regressao_logistica	UNV	520	UNDER
regressao_logistica	UNV	361	UNDER
regressao_logistica	UNV	610	UNDER
regressao_logistica	UNV	560	UNDER
regressao_logistica	UNV	780	UNDER
regressao_logistica	UNV	710	UNDER
support_vector	UNV	250	OVER
support_vector	UNV	250	OVER
support_vector	UNV	230	OVER
support_vector	UNV	230	OVER
support_vector	UNV	220	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
support_vector	UNV	220	OVER
support_vector	UNV	190	OVER
support_vector	UNV	190	OVER
support_vector	UNV	130	OVER
support_vector	UNV	130	OVER
support_vector	UNV	150	OVER
support_vector	UNV	150	OVER
support_vector	UNV	120	OVER
support_vector	UNV	120	OVER
support_vector	UNV	110	OVER
support_vector	UNV	110	OVER
support_vector	UNV	350	OVER
arvore_decisao	UNV	350	OVER
redes_neurais	UNV	350	OVER
redes_neurais	UNV	350	OVER
regressao_logistica	UNV	89	UNDER
regressao_logistica	UNV	118	UNDER
regressao_logistica	UNV	110	UNDER
regressao_logistica	UNV	63	UNDER
regressao_logistica	UNV	120	UNDER
regressao_logistica	UNV	64	UNDER
regressao_logistica	UNV	108	UNDER
regressao_logistica	UNV	430	UNDER
regressao_logistica	UNV	271	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balancamento
regressao_logistica	UNV	291	UNDER
regressao_logistica	UNV	540	UNDER
regressao_logistica	UNV	33	UNDER
regressao_logistica	UNV	309	UNDER
regressao_logistica	UNV	650	UNDER
regressao_logistica	UNV	600	UNDER
regressao_logistica	UNV	630	UNDER
regressao_logistica	UNV	620	UNDER
regressao_logistica	UNV	770	UNDER
regressao_logistica	UNV	357	UNDER
regressao_logistica	UNV	550	UNDER
regressao_logistica	UNV	326	UNDER
regressao_logistica	UNV	870	UNDER
regressao_logistica	UNV	700	UNDER
regressao_logistica	UNV	690	UNDER
regressao_logistica	UNV	720	UNDER
regressao_logistica	UNV	760	UNDER
suport_vector	UNV	270	OVER
suport_vector	UNV	270	OVER
suport_vector	UNV	280	OVER
suport_vector	UNV	280	OVER
suport_vector	UNV	260	OVER
suport_vector	UNV	260	OVER
suport_vector	UNV	160	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
suport_vector	UNV	160	OVER
arvore_decisao	UNV	160	OVER
arvore_decisao	UNV	160	OVER
redes_neurais	UNV	160	OVER
redes_neurais	UNV	160	OVER
suport_vector	UNV	40	OVER
suport_vector	UNV	40	OVER
arvore_decisao	UNV	880	UNDER
arvore_decisao	UNV	880	UNDER
redes_neurais	UNV	880	UNDER
redes_neurais	UNV	880	UNDER
arvore_decisao	UNV	120	OVER
arvore_decisao	UNV	700	OVER
arvore_decisao	UNV	120	OVER
redes_neurais	UNV	700	OVER
redes_neurais	UNV	120	OVER
redes_neurais	UNV	700	OVER
redes_neurais	UNV	700	OVER
arvore_decisao	UNV	830	UNDER
arvore_decisao	UNV	830	UNDER
redes_neurais	UNV	830	UNDER
redes_neurais	UNV	830	UNDER
arvore_decisao	UNV	40	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
arvore_decisao	UNV	40	OVER
redes_neurais	UNV	40	OVER
redes_neurais	UNV	40	OVER
regressao_logistica	UNV	130	UNDER
regressao_logistica	UNV	100	UNDER
regressao_logistica	UNV	345	UNDER
regressao_logistica	UNV	340	UNDER
regressao_logistica	UNV	590	UNDER
regressao_logistica	UNV	660	UNDER
regressao_logistica	UNV	580	UNDER
regressao_logistica	UNV	730	UNDER
regressao_logistica	UNV	740	UNDER
regressao_logistica	UNV	750	UNDER
support_vector	UNV	300	OVER
support_vector	UNV	300	OVER
support_vector	UNV	310	OVER
support_vector	UNV	310	OVER
support_vector	UNV	330	OVER
support_vector	UNV	330	OVER
support_vector	UNV	350	OVER
support_vector	UNV	350	OVER
support_vector	UNV	340	OVER
support_vector	UNV	340	OVER
support_vector	UNV	70	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
support_vector	UNV	70	OVER
support_vector	UNV	50	OVER
support_vector	UNV	50	OVER
arvore_decisao	UNV	320	OVER
arvore_decisao	UNV	320	OVER
redes_neurais	UNV	320	OVER
redes_neurais	UNV	320	OVER
arvore_decisao	UNV	80	UNDER
arvore_decisao	UNV	80	UNDER
redes_neurais	UNV	80	UNDER
redes_neurais	UNV	80	UNDER
arvore_decisao	FTS	51	OVER
arvore_decisao	FTS	51	OVER
arvore_decisao	UNV	150	OVER
arvore_decisao	UNV	150	OVER
redes_neurais	FTS	51	OVER
redes_neurais	FTS	51	OVER
redes_neurais	UNV	150	OVER
redes_neurais	UNV	150	OVER
arvore_decisao	UNV	380	OVER
arvore_decisao	UNV	760	OVER
arvore_decisao	UNV	380	OVER
arvore_decisao	UNV	760	OVER
redes_neurais	UNV	380	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
redes_neurais	UNV	760	OVER
redes_neurais	UNV	380	OVER
redes_neurais	UNV	760	OVER
arvore_decisao	UNV	460	OVER
arvore_decisao	UNV	460	OVER
redes_neurais	UNV	460	OVER
redes_neurais	UNV	460	OVER
regressao_logistica	UNV	120	UNDER
regressao_logistica	UNV	45	UNDER
regressao_logistica	UNV	40	UNDER
regressao_logistica	UNV	49	UNDER
regressao_logistica	UNV	285	UNDER
regressao_logistica	UNV	336	UNDER
regressao_logistica	UNV	323	UNDER
regressao_logistica	UNV	333	UNDER
regressao_logistica	UNV	640	UNDER
regressao_logistica	UNV	32	UNDER
regressao_logistica	UNV	570	UNDER
suport_vector	UNV	290	OVER
suport_vector	UNV	290	OVER
suport_vector	UNV	320	OVER
suport_vector	UNV	320	OVER
suport_vector	UNV	320	OVER
suport_vector	UNV	360	OVER
suport_vector	UNV	360	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
support_vector	UNV	370	OVER
support_vector	UNV	370	OVER
arvore_decisao	UNV	640	OVER
arvore_decisao	UNV	640	OVER
arvore_decisao	UNV	640	OVER
redes_neurais	UNV	640	OVER
redes_neurais	UNV	640	OVER
support_vector	UNV	90	OVER
support_vector	UNV	90	OVER
arvore_decisao	UNV	650	OVER
arvore_decisao	UNV	650	OVER
redes_neurais	UNV	650	OVER
redes_neurais	UNV	650	OVER
arvore_decisao	UNV	970	UNDER
arvore_decisao	UNV	970	UNDER
redes_neurais	UNV	970	UNDER
redes_neurais	UNV	970	UNDER
regressao_logistica	UNV	17	OVER
regressao_logistica	UNV	19	OVER
regressao_logistica	UNV	328	UNDER
regressao_logistica	UNV	670	UNDER
regressao_logistica	UNV	680	UNDER
support_vector	UNV	390	OVER
support_vector	UNV	390	OVER
support_vector	UNV	420	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
support_vector	UNV	420	OVER
support_vector	UNV	380	OVER
support_vector	UNV	380	OVER
support_vector	UNV	470	OVER
support_vector	UNV	490	OVER
support_vector	UNV	470	OVER
support_vector	UNV	490	OVER
support_vector	UNV	450	OVER
support_vector	UNV	450	OVER
support_vector	UNV	410	OVER
support_vector	UNV	460	OVER
support_vector	UNV	410	OVER
support_vector	UNV	460	OVER
support_vector	UNV	500	OVER
support_vector	UNV	500	OVER
support_vector	UNV	400	OVER
support_vector	UNV	400	OVER
support_vector	UNV	430	OVER
support_vector	UNV	480	OVER
support_vector	UNV	480	OVER
support_vector	UNV	440	OVER
support_vector	UNV	440	OVER
support_vector	UNV	520	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
support_vector	UNV	520	OVER
support_vector	UNV	510	OVER
support_vector	UNV	510	OVER
support_vector	UNV	690	OVER
support_vector	UNV	710	OVER
support_vector	UNV	690	OVER
support_vector	UNV	710	OVER
support_vector	UNV	530	OVER
support_vector	UNV	530	OVER
support_vector	UNV	680	OVER
support_vector	UNV	840	OVER
support_vector	UNV	680	OVER
support_vector	UNV	840	OVER
support_vector	UNV	830	OVER
support_vector	UNV	830	OVER
support_vector	UNV	580	OVER
support_vector	UNV	600	OVER
support_vector	UNV	860	OVER
support_vector	UNV	580	OVER
support_vector	UNV	600	OVER
support_vector	UNV	860	OVER
support_vector	UNV	660	OVER
support_vector	UNV	670	OVER
support_vector	UNV	780	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
support_vector	UNV	660	OVER
support_vector	UNV	670	OVER
support_vector	UNV	780	OVER
support_vector	UNV	590	OVER
support_vector	UNV	760	OVER
support_vector	UNV	590	OVER
support_vector	UNV	760	OVER
support_vector	UNV	610	OVER
support_vector	UNV	610	OVER
support_vector	UNV	540	OVER
support_vector	UNV	790	OVER
support_vector	UNV	800	OVER
support_vector	UNV	540	OVER
support_vector	UNV	790	OVER
support_vector	UNV	800	OVER
support_vector	UNV	770	OVER
support_vector	UNV	770	OVER
support_vector	UNV	620	OVER
support_vector	UNV	810	OVER
support_vector	UNV	620	OVER
support_vector	UNV	810	OVER
support_vector	UNV	650	OVER
support_vector	UNV	630	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – *Continuação da página anterior*

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
support_vector	UNV	630	OVER
support_vector	UNV	820	OVER
support_vector	UNV	820	OVER
support_vector	UNV	640	OVER
support_vector	UNV	640	OVER
support_vector	UNV	60	UNDER
support_vector	UNV	60	UNDER
support_vector	UNV	70	UNDER
support_vector	UNV	70	UNDER
support_vector	UNV	80	UNDER
support_vector	UNV	50	UNDER
arvore_decisao	UNV	50	UNDER
arvore_decisao	UNV	50	UNDER
redes_neurais	UNV	50	UNDER
redes_neurais	UNV	520	OVER
redes_neurais	UNV	520	OVER
redes_neurais	UNV	520	OVER
redes_neurais	UNV	520	OVER
arvore_decisao	UNV	340	OVER
arvore_decisao	UNV	340	OVER
redes_neurais	UNV	340	OVER
redes_neurais	UNV	340	OVER
arvore_decisao	UNV	750	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
arvore_decisao	UNV	750	UNDER
redes_neurais	UNV	750	UNDER
redes_neurais	UNV	750	UNDER
arvore_decisao	UNV	80	OVER
arvore_decisao	UNV	80	OVER
redes_neurais	UNV	80	OVER
redes_neurais	UNV	80	OVER
arvore_decisao	UNV	250	OVER
arvore_decisao	UNV	250	OVER
redes_neurais	UNV	250	OVER
redes_neurais	UNV	250	OVER
redes_neurais	UNV	250	OVER
support_vector	UNV	180	UNDER
support_vector	UNV	180	UNDER
support_vector	UNV	570	OVER
support_vector	UNV	720	OVER
support_vector	UNV	570	OVER
support_vector	UNV	720	OVER
support_vector	UNV	880	OVER
support_vector	UNV	880	OVER
support_vector	UNV	170	UNDER
support_vector	UNV	550	OVER
support_vector	UNV	940	OVER
support_vector	UNV	170	UNDER
support_vector	UNV	550	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
support_vector	UNV	940	OVER
support_vector	UNV	750	OVER
support_vector	UNV	750	OVER
support_vector	UNV	990	OVER
support_vector	UNV	990	OVER
support_vector	UNV	730	OVER
support_vector	UNV	730	OVER
support_vector	UNV	700	OVER
support_vector	UNV	700	OVER
support_vector	UNV	740	OVER
support_vector	UNV	850	OVER
support_vector	UNV	740	OVER
support_vector	UNV	850	OVER
support_vector	UNV	560	OVER
support_vector	UNV	560	OVER
support_vector	UNV	980	OVER
support_vector	UNV	980	OVER
support_vector	UNV	970	OVER
support_vector	UNV	970	OVER
support_vector	UNV	1000	OVER
support_vector	UNV	1000	OVER
support_vector	UNV	960	OVER
support_vector	UNV	960	OVER
support_vector	UNV	90	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
support_vector	UNV	90	UNDER
arvore_decisao	UNV	850	UNDER
arvore_decisao	UNV	850	UNDER
redes_neurais	UNV	850	UNDER
redes_neurais	UNV	850	UNDER
arvore_decisao	UNV	310	OVER
arvore_decisao	UNV	310	OVER
redes_neurais	UNV	310	OVER
redes_neurais	UNV	310	OVER
arvore_decisao	UNV	220	OVER
arvore_decisao	UNV	690	OVER
arvore_decisao	UNV	890	OVER
arvore_decisao	UNV	900	OVER
arvore_decisao	UNV	210	OVER
arvore_decisao	UNV	220	OVER
arvore_decisao	UNV	690	OVER
arvore_decisao	UNV	890	OVER
arvore_decisao	UNV	900	OVER
redes_neurais	UNV	210	OVER
redes_neurais	UNV	220	OVER
redes_neurais	UNV	690	OVER
redes_neurais	UNV	890	OVER
redes_neurais	UNV	900	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
redes_neurais	UNV	210	OVER
redes_neurais	UNV	220	OVER
redes_neurais	UNV	690	OVER
redes_neurais	UNV	890	OVER
redes_neurais	UNV	900	OVER
arvore_decisao	UNV	780	OVER
arvore_decisao	UNV	780	OVER
redes_neurais	UNV	780	OVER
redes_neurais	UNV	780	OVER
arvore_decisao	UNV	890	UNDER
redes_neurais	UNV	890	UNDER
redes_neurais	UNV	890	UNDER
arvore_decisao	UNV	860	OVER
arvore_decisao	UNV	860	OVER
redes_neurais	UNV	860	OVER
redes_neurais	UNV	860	OVER
arvore_decisao	UNV	590	OVER
arvore_decisao	UNV	590	OVER
redes_neurais	UNV	590	OVER
redes_neurais	UNV	590	OVER
support_vector	UNV	250	UNDER
support_vector	UNV	250	UNDER
support_vector	UNV	240	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
support_vector	UNV	240	UNDER
support_vector	UNV	30	OVER
support_vector	UNV	30	OVER
regressao_logistica	UNV	17	UNDER
	UNV	19	UNDER
	UNV	200	UNDER
support_vector	UNV	200	UNDER
support_vector	UNV	200	UNDER
support_vector	UNV	190	UNDER
support_vector	UNV	190	UNDER
support_vector	UNV	890	OVER
support_vector	UNV	890	OVER
support_vector	UNV	900	OVER
support_vector	UNV	900	OVER
support_vector	UNV	930	OVER
support_vector	UNV	930	OVER
support_vector	UNV	950	OVER
support_vector	UNV	950	OVER
support_vector	UNV	950	OVER
support_vector	UNV	920	OVER
support_vector	UNV	920	OVER
support_vector	UNV	910	OVER
support_vector	UNV	910	OVER
support_vector	UNV	140	UNDER
support_vector	UNV	140	UNDER
support_vector	UNV	870	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balancamento
support_vector	UNV	870	OVER
support_vector	UNV	150	UNDER
support_vector	UNV	150	UNDER
arvore_decisao	UNV	720	OVER
arvore_decisao	UNV	720	OVER
redes_neurais	UNV	720	OVER
redes_neurais	UNV	720	OVER
redes_neurais	UNV	720	OVER
support_vector	UNV	100	UNDER
support_vector	UNV	100	UNDER
arvore_decisao	UNV	920	OVER
arvore_decisao	UNV	920	OVER
redes_neurais	UNV	920	OVER
redes_neurais	UNV	920	OVER
arvore_decisao	UNV	450	OVER
arvore_decisao	UNV	1000	OVER
arvore_decisao	UNV	450	OVER
arvore_decisao	UNV	1000	OVER
redes_neurais	UNV	450	OVER
redes_neurais	UNV	1000	OVER
redes_neurais	UNV	450	OVER
redes_neurais	UNV	1000	OVER
arvore_decisao	UNV	10	UNDER
arvore_decisao	UNV	10	UNDER
redes_neurais	UNV	10	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
redes_neurais	UNV	10	UNDER
arvore_decisao	UNV	360	OVER
arvore_decisao	UNV	360	OVER
redes_neurais	UNV	360	OVER
redes_neurais	UNV	360	OVER
arvore_decisao	UNV	870	OVER
arvore_decisao	UNV	870	OVER
redes_neurais	UNV	870	OVER
redes_neurais	UNV	870	OVER
arvore_decisao	UNV	940	UNDER
arvore_decisao	UNV	940	UNDER
redes_neurais	UNV	940	UNDER
redes_neurais	UNV	940	UNDER
arvore_decisao	UNV	630	OVER
arvore_decisao	UNV	630	OVER
redes_neurais	UNV	630	OVER
redes_neurais	UNV	630	OVER
arvore_decisao	UNV	980	OVER
arvore_decisao	UNV	980	OVER
redes_neurais	UNV	980	OVER
redes_neurais	UNV	980	OVER
arvore_decisao	UNV	330	OVER
arvore_decisao	UNV	330	OVER
redes_neurais	UNV	330	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balaceamento
redes_neurais	UNV	330	OVER
support_vector	UNV	260	UNDER
support_vector	UNV	260	UNDER
support_vector	UNV	500	UNDER
support_vector	UNV	500	UNDER
support_vector	UNV	440	UNDER
support_vector	UNV	440	UNDER
support_vector	UNV	440	UNDER
support_vector	UNV	40	UNDER
support_vector	UNV	40	UNDER
support_vector	UNV	210	UNDER
support_vector	UNV	220	UNDER
support_vector	UNV	220	UNDER
support_vector	UNV	230	UNDER
support_vector	UNV	230	UNDER
support_vector	UNV	160	UNDER
support_vector	UNV	160	UNDER
support_vector	UNV	160	UNDER
support_vector	UNV	130	UNDER
support_vector	UNV	120	UNDER
support_vector	UNV	120	UNDER
support_vector	UNV	110	UNDER
support_vector	UNV	110	UNDER
arvore_decisao	UNV	130	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – *Continuação da página anterior*

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
arvore_decisao	UNV	960	OVER
arvore_decisao	UNV	130	UNDER
arvore_decisao	UNV	960	OVER
redes_neurais	UNV	130	UNDER
redes_neurais	UNV	960	OVER
redes_neurais	UNV	130	UNDER
redes_neurais	UNV	960	OVER
arvore_decisao	UNV	60	UNDER
arvore_decisao	UNV	60	UNDER
redes_neurais	UNV	60	UNDER
redes_neurais	UNV	60	UNDER
arvore_decisao	UNV	990	OVER
arvore_decisao	UNV	990	OVER
redes_neurais	UNV	990	OVER
redes_neurais	UNV	990	OVER
arvore_decisao	UNV	150	UNDER
arvore_decisao	UNV	150	UNDER
redes_neurais	UNV	150	UNDER
redes_neurais	UNV	150	UNDER
arvore_decisao	UNV	760	UNDER
arvore_decisao	UNV	760	UNDER
redes_neurais	UNV	760	UNDER
redes_neurais	UNV	760	UNDER
arvore_decisao	UNV	810	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
arvore_decisao	UNV	880	OVER
arvore_decisao	UNV	810	OVER
arvore_decisao	UNV	880	OVER
redes_neurais	UNV	810	OVER
redes_neurais	UNV	880	OVER
redes_neurais	UNV	810	OVER
redes_neurais	UNV	880	OVER
arvore_decisao	UNV	780	UNDER
arvore_decisao	UNV	780	UNDER
redes_neurais	UNV	780	UNDER
redes_neurais	UNV	780	UNDER
support_vector	UNV	270	UNDER
support_vector	UNV	270	UNDER
support_vector	UNV	280	UNDER
support_vector	UNV	280	UNDER
support_vector	UNV	290	UNDER
support_vector	UNV	290	UNDER
support_vector	UNV	290	UNDER
support_vector	UNV	410	UNDER
support_vector	UNV	410	UNDER
support_vector	UNV	450	UNDER
support_vector	UNV	450	UNDER
support_vector	UNV	490	UNDER
support_vector	UNV	490	UNDER
support_vector	UNV	330	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
support_vector	UNV	330	UNDER
support_vector	UNV	310	UNDER
support_vector	UNV	310	UNDER
support_vector	UNV	340	UNDER
support_vector	UNV	340	UNDER
support_vector	UNV	360	UNDER
support_vector	UNV	360	UNDER
support_vector	UNV	360	UNDER
support_vector	UNV	350	UNDER
support_vector	UNV	350	UNDER
support_vector	UNV	380	UNDER
support_vector	UNV	380	UNDER
support_vector	UNV	380	UNDER
support_vector	UNV	370	UNDER
support_vector	UNV	370	UNDER
support_vector	UNV	390	UNDER
support_vector	UNV	390	UNDER
support_vector	UNV	420	UNDER
support_vector	UNV	420	UNDER
support_vector	UNV	420	UNDER
support_vector	UNV	430	UNDER
support_vector	UNV	430	UNDER
support_vector	UNV	510	UNDER
support_vector	UNV	510	UNDER
support_vector	UNV	530	UNDER
support_vector	UNV	530	UNDER
support_vector	UNV	520	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – *Continuação da página anterior*

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
support_vector	UNV	520	UNDER
support_vector	UNV	540	UNDER
support_vector	UNV	570	UNDER
support_vector	UNV	540	UNDER
support_vector	UNV	570	UNDER
support_vector	UNV	50	UNDER
support_vector	UNV	50	UNDER
arvore_decisao	UNV	370	OVER
arvore_decisao	UNV	370	OVER
redes_neurais	UNV	370	OVER
redes_neurais	UNV	370	OVER
arvore_decisao	UNV	100	OVER
arvore_decisao	UNV	100	OVER
redes_neurais	UNV	100	OVER
redes_neurais	UNV	100	OVER
arvore_decisao	UNV	720	UNDER
arvore_decisao	UNV	870	UNDER
arvore_decisao	UNV	900	UNDER
arvore_decisao	UNV	910	UNDER
arvore_decisao	UNV	720	UNDER
arvore_decisao	UNV	870	UNDER
arvore_decisao	UNV	900	UNDER
arvore_decisao	UNV	910	UNDER
redes_neurais	UNV	720	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
redes_neurais	UNV	870	UNDER
redes_neurais	UNV	900	UNDER
redes_neurais	UNV	910	UNDER
redes_neurais	UNV	720	UNDER
redes_neurais	UNV	870	UNDER
redes_neurais	UNV	900	UNDER
redes_neurais	UNV	910	UNDER
arvore_decisao	UNV	930	OVER
arvore_decisao	UNV	930	OVER
redes_neurais	UNV	930	OVER
redes_neurais	UNV	930	OVER
arvore_decisao	UNV	50	OVER
arvore_decisao	UNV	660	OVER
arvore_decisao	UNV	940	OVER
50	UNV	50	OVER
660	UNV	660	OVER
940	UNV	940	OVER
redes_neurais	UNV	50	OVER
redes_neurais	UNV	660	OVER
redes_neurais	UNV	940	OVER
redes_neurais	UNV	50	OVER
redes_neurais	UNV	660	OVER
redes_neurais	UNV	940	OVER
arvore_decisao	Metanalise	26	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
arvore_decisao	Metanalise	26	UNDER
redes_neurais	Metanalise	26	UNDER
redes_neurais	Metanalise	26	UNDER
arvore_decisao	UNV	60	OVER
arvore_decisao	UNV	280	OVER
arvore_decisao	UNV	60	OVER
arvore_decisao	UNV	280	OVER
redes_neurais	UNV	60	OVER
redes_neurais	UNV	280	OVER
redes_neurais	UNV	60	OVER
redes_neurais	UNV	280	OVER
arvore_decisao	UNV	740	OVER
arvore_decisao	UNV	740	OVER
redes_neurais	UNV	740	OVER
redes_neurais	UNV	740	OVER
arvore_decisao	UNV	490	OVER
arvore_decisao	UNV	490	OVER
redes_neurais	UNV	490	OVER
redes_neurais	UNV	490	OVER
arvore_decisao	UNV	390	UNDER
arvore_decisao	UNV	820	UNDER
arvore_decisao	UNV	390	UNDER
arvore_decisao	UNV	820	UNDER
redes_neurais	UNV	390	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
redes_neurais	UNV	820	UNDER
redes_neurais	UNV	390	UNDER
redes_neurais	UNV	820	UNDER
support_vector	UNV	300	UNDER
support_vector	UNV	300	UNDER
support_vector	UNV	320	UNDER
support_vector	UNV	320	UNDER
support_vector	UNV	320	UNDER
support_vector	UNV	400	UNDER
support_vector	UNV	400	UNDER
support_vector	UNV	480	UNDER
support_vector	UNV	480	UNDER
support_vector	UNV	460	UNDER
support_vector	UNV	460	UNDER
support_vector	UNV	470	UNDER
support_vector	UNV	470	UNDER
support_vector	UNV	680	UNDER
support_vector	UNV	700	UNDER
support_vector	UNV	710	UNDER
support_vector	UNV	680	UNDER
support_vector	UNV	700	UNDER
support_vector	UNV	710	UNDER
support_vector	UNV	690	UNDER
support_vector	UNV	690	UNDER
support_vector	UNV	560	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
support_vector	UNV	560	UNDER
support_vector	UNV	550	UNDER
support_vector	UNV	550	UNDER
support_vector	UNV	670	UNDER
support_vector	UNV	670	UNDER
support_vector	UNV	580	UNDER
support_vector	UNV	600	UNDER
support_vector	UNV	580	UNDER
support_vector	UNV	600	UNDER
support_vector	UNV	590	UNDER
support_vector	UNV	710	OVER
arvore_decisao	UNV	710	OVER
redes_neurais	UNV	710	OVER
redes_neurais	UNV	710	OVER
arvore_decisao	UNV	200	OVER
arvore_decisao	UNV	300	OVER
arvore_decisao	UNV	200	OVER
arvore_decisao	UNV	300	OVER
redes_neurais	UNV	200	OVER
redes_neurais	UNV	300	OVER
redes_neurais	UNV	200	OVER
redes_neurais	UNV	300	OVER
arvore_decisao	UNV	190	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
arvore_decisao	UNV	190	OVER
redes_neurais	UNV	190	OVER
redes_neurais	UNV	190	OVER
arvore_decisao	UNV	730	UNDER
arvore_decisao	UNV	730	UNDER
redes_neurais	UNV	730	UNDER
redes_neurais	UNV	730	UNDER
arvore_decisao	UNV	130	OVER
arvore_decisao	UNV	130	OVER
redes_neurais	UNV	130	OVER
redes_neurais	UNV	130	OVER
arvore_decisao	UNV	740	UNDER
arvore_decisao	UNV	740	UNDER
redes_neurais	UNV	740	UNDER
redes_neurais	UNV	740	UNDER
arvore_decisao	UNV	430	OVER
arvore_decisao	UNV	430	OVER
redes_neurais	UNV	430	OVER
redes_neurais	UNV	430	OVER
arvore_decisao	UNV	250	UNDER
arvore_decisao	UNV	830	OVER
arvore_decisao	UNV	250	UNDER
arvore_decisao	UNV	830	OVER
redes_neurais	UNV	250	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
redes_neurais	UNV	830	OVER
redes_neurais	UNV	250	UNDER
redes_neurais	UNV	830	OVER
arvore_decisao	UNV	110	OVER
arvore_decisao	UNV	110	OVER
redes_neurais	UNV	110	OVER
redes_neurais	UNV	110	OVER
redes_neurais	UNV	110	OVER
support_vector	UNV	780	UNDER
support_vector	UNV	780	UNDER
support_vector	UNV	790	UNDER
support_vector	UNV	790	UNDER
support_vector	UNV	770	UNDER
support_vector	UNV	770	UNDER
support_vector	UNV	860	UNDER
support_vector	UNV	860	UNDER
support_vector	UNV	810	UNDER
support_vector	UNV	810	UNDER
support_vector	UNV	800	UNDER
support_vector	UNV	820	UNDER
support_vector	UNV	840	UNDER
support_vector	UNV	800	UNDER
support_vector	UNV	820	UNDER
support_vector	UNV	840	UNDER
support_vector	UNV	730	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
support_vector	UNV	850	UNDER
support_vector	UNV	730	UNDER
support_vector	UNV	850	UNDER
support_vector	UNV	750	UNDER
support_vector	UNV	750	UNDER
support_vector	UNV	720	UNDER
support_vector	UNV	760	UNDER
support_vector	UNV	830	UNDER
support_vector	UNV	870	UNDER
support_vector	UNV	920	UNDER
support_vector	UNV	720	UNDER
support_vector	UNV	760	UNDER
support_vector	UNV	830	UNDER
support_vector	UNV	870	UNDER
support_vector	UNV	920	UNDER
support_vector	UNV	890	UNDER
support_vector	UNV	890	UNDER
support_vector	UNV	740	UNDER
support_vector	UNV	900	UNDER
support_vector	UNV	740	UNDER
support_vector	UNV	900	UNDER
support_vector	UNV	940	UNDER
support_vector	UNV	940	UNDER
support_vector	UNV	910	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
arvore_decisao	UNV	790	UNDER
arvore_decisao	UNV	930	UNDER
arvore_decisao	UNV	950	UNDER
redes_neurais	UNV	790	UNDER
redes_neurais	UNV	930	UNDER
redes_neurais	UNV	950	UNDER
redes_neurais	UNV	790	UNDER
redes_neurais	UNV	930	UNDER
redes_neurais	UNV	950	UNDER
arvore_decisao	UNV	170	OVER
arvore_decisao	UNV	800	OVER
arvore_decisao	UNV	170	OVER
arvore_decisao	UNV	800	OVER
redes_neurais	UNV	170	OVER
redes_neurais	UNV	800	OVER
redes_neurais	UNV	170	OVER
redes_neurais	UNV	800	OVER
arvore_decisao	UNV	210	UNDER
arvore_decisao	UNV	230	UNDER
arvore_decisao	UNV	210	UNDER
arvore_decisao	UNV	230	UNDER
redes_neurais	UNV	210	UNDER
redes_neurais	UNV	230	UNDER
redes_neurais	UNV	210	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – *Continuação da página anterior*

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
redes_neurais	UNV	230	UNDER
arvore_decisao	UNV	560	OVER
arvore_decisao	UNV	560	OVER
redes_neurais	UNV	560	OVER
redes_neurais	UNV	560	OVER
arvore_decisao	UNV	260	OVER
arvore_decisao	UNV	260	OVER
redes_neurais	UNV	260	OVER
redes_neurais	UNV	260	OVER
arvore_decisao	UNV	920	UNDER
arvore_decisao	UNV	920	UNDER
redes_neurais	UNV	920	UNDER
redes_neurais	UNV	920	UNDER
arvore_decisao	UNV	90	UNDER
arvore_decisao	UNV	270	OVER
arvore_decisao	UNV	790	OVER
arvore_decisao	UNV	90	UNDER
arvore_decisao	UNV	270	OVER
arvore_decisao	UNV	790	OVER
redes_neurais	UNV	90	UNDER
redes_neurais	UNV	270	OVER
redes_neurais	UNV	790	OVER
redes_neurais	UNV	90	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – *Continuação da página anterior*

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
redes_neurais	UNV	790	OVER
arvore_decisao	UNV	840	UNDER
arvore_decisao	UNV	860	UNDER
arvore_decisao	UNV	840	UNDER
arvore_decisao	UNV	860	UNDER
redes_neurais	UNV	840	UNDER
redes_neurais	UNV	860	UNDER
redes_neurais	UNV	840	UNDER
redes_neurais	UNV	860	UNDER
arvore_decisao	UNV	190	UNDER
arvore_decisao	UNV	190	UNDER
arvore_decisao	UNV	380	UNDER
arvore_decisao	UNV	190	UNDER
redes_neurais	UNV	380	UNDER
redes_neurais	UNV	190	UNDER
redes_neurais	UNV	380	UNDER
arvore_decisao	UNV	770	OVER
arvore_decisao	UNV	770	OVER
redes_neurais	UNV	770	OVER
redes_neurais	UNV	770	OVER
arvore_decisao	UNV	500	OVER
arvore_decisao	UNV	500	OVER
redes_neurais	UNV	500	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balancamento
redes_neurais	UNV	500	OVER
regressao_logistica	Metanalise	26	OVER
regressao_logistica	Metanalise	23	OVER
regressao_logistica	UNV	20	OVER
regressao_logistica	Metanalise	19	OVER
regressao_logistica	Metanalise	26	UNDER
regressao_logistica	Metanalise	23	UNDER
regressao_logistica	UNV	19	OVER
regressao_logistica	Metanalise	19	UNDER
regressao_logistica	UNV	20	UNDER
regressao_logistica	UNV	18	OVER
regressao_logistica	UNV	19	UNDER
regressao_logistica	UNV	18	UNDER
regressao_logistica	UNV	10	OVER
regressao_logistica	UNV	10	OVER
regressao_logistica	UNV	10	UNDER
regressao_logistica	UNV	10	UNDER
regressao_logistica	UNV	10	UNDER
regressao_logistica	UNV	10	UNDER
arvore_decisao	UNV	260	UNDER
arvore_decisao	UNV	290	UNDER
arvore_decisao	UNV	260	UNDER
arvore_decisao	UNV	290	UNDER
redes_neurais	UNV	260	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
redes_neurais	UNV	290	UNDER
redes_neurais	UNV	260	UNDER
redes_neurais	UNV	290	UNDER
support_vector	UNV	1000	UNDER
support_vector	UNV	1000	UNDER
support_vector	UNV	930	UNDER
support_vector	UNV	930	UNDER
support_vector	UNV	990	UNDER
support_vector	UNV	990	UNDER
support_vector	UNV	950	UNDER
support_vector	UNV	980	UNDER
support_vector	UNV	970	UNDER
support_vector	UNV	970	UNDER
support_vector	UNV	980	UNDER
support_vector	UNV	240	UNDER
support_vector	UNV	300	UNDER
support_vector	UNV	370	UNDER
support_vector	UNV	840	OVER
support_vector	UNV	180	UNDER
support_vector	UNV	300	UNDER
support_vector	UNV	240	UNDER
support_vector	UNV	300	UNDER
support_vector	UNV	370	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
arvore_decisao	UNV	840	OVER
redes_neurais	UNV	180	UNDER
redes_neurais	UNV	240	UNDER
redes_neurais	UNV	300	UNDER
redes_neurais	UNV	370	UNDER
redes_neurais	UNV	840	OVER
redes_neurais	UNV	180	UNDER
redes_neurais	UNV	240	UNDER
redes_neurais	UNV	300	UNDER
redes_neurais	UNV	370	UNDER
redes_neurais	UNV	840	OVER
arvore_decisao	UNV	290	OVER
arvore_decisao	UNV	730	OVER
arvore_decisao	UNV	290	OVER
arvore_decisao	UNV	730	OVER
redes_neurais	UNV	290	OVER
redes_neurais	UNV	730	OVER
redes_neurais	UNV	290	OVER
redes_neurais	UNV	730	OVER
arvore_decisao	UNV	100	UNDER
arvore_decisao	UNV	140	UNDER
arvore_decisao	UNV	100	UNDER
arvore_decisao	UNV	140	UNDER
redes_neurais	UNV	100	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – *Continuação da página anterior*

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
redes_neurais	UNV	140	UNDER
redes_neurais	UNV	100	UNDER
redes_neurais	UNV	140	UNDER
arvore_decisao	UNV	750	OVER
arvore_decisao	UNV	750	OVER
redes_neurais	UNV	750	OVER
redes_neurais	UNV	750	OVER
arvore_decisao	UNV	640	UNDER
arvore_decisao	UNV	640	UNDER
redes_neurais	UNV	640	UNDER
redes_neurais	UNV	640	UNDER
arvore_decisao	UNV	160	UNDER
arvore_decisao	UNV	160	UNDER
redes_neurais	UNV	160	UNDER
redes_neurais	UNV	160	UNDER
arvore_decisao	UNV	610	UNDER
arvore_decisao	UNV	610	UNDER
redes_neurais	UNV	610	UNDER
redes_neurais	UNV	610	UNDER
arvore_decisao	UNV	850	OVER
arvore_decisao	UNV	850	OVER
redes_neurais	UNV	850	OVER
redes_neurais	UNV	850	OVER
arvore_decisao	UNV	970	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
arvore_decisao	UNV	970	OVER
redes_neurais	UNV	970	OVER
redes_neurais	UNV	970	OVER
arvore_decisao	UNV	990	UNDER
arvore_decisao	UNV	990	UNDER
redes_neurais	UNV	990	UNDER
redes_neurais	UNV	990	UNDER
arvore_decisao	UNV	280	UNDER
arvore_decisao	UNV	280	UNDER
redes_neurais	UNV	280	UNDER
redes_neurais	UNV	280	UNDER
redes_neurais	UNV	280	UNDER
support_vector	Metanalise	26	UNDER
support_vector	Metanalise	26	UNDER
support_vector	Metanalise	26	OVER
support_vector	Metanalise	26	OVER
support_vector	UNV	20	OVER
support_vector	UNV	20	OVER
support_vector	UNV	20	OVER
support_vector	UNV	20	UNDER
support_vector	UNV	20	UNDER
support_vector	UNV	10	UNDER
support_vector	UNV	10	UNDER
support_vector	UNV	10	OVER
support_vector	UNV	10	OVER
arvore_decisao	UNV	400	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – *Continuação da página anterior*

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
arvore_decisao	UNV	710	UNDER
arvore_decisao	UNV	800	UNDER
arvore_decisao	UNV	980	UNDER
arvore_decisao	UNV	400	UNDER
arvore_decisao	UNV	710	UNDER
arvore_decisao	UNV	800	UNDER
arvore_decisao	UNV	980	UNDER
redes_neurais	UNV	400	UNDER
redes_neurais	UNV	710	UNDER
redes_neurais	UNV	800	UNDER
redes_neurais	UNV	980	UNDER
redes_neurais	UNV	400	UNDER
redes_neurais	UNV	710	UNDER
redes_neurais	UNV	800	UNDER
redes_neurais	UNV	980	UNDER
arvore_decisao	UNV	180	OVER
arvore_decisao	UNV	180	OVER
redes_neurais	UNV	180	OVER
arvore_decisao	UNV	440	OVER
arvore_decisao	UNV	440	OVER
redes_neurais	UNV	440	OVER
redes_neurais	UNV	440	OVER
arvore_decisao	UNV	540	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – *Continuação da página anterior*

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
arvore_decisao	UNV	540	UNDER
redes_neurais	UNV	540	UNDER
redes_neurais	UNV	540	UNDER
arvore_decisao	UNV	600	OVER
arvore_decisao	UNV	600	OVER
redes_neurais	UNV	600	OVER
redes_neurais	UNV	600	OVER
arvore_decisao	UNV	440	UNDER
arvore_decisao	UNV	440	UNDER
redes_neurais	UNV	440	UNDER
redes_neurais	UNV	440	UNDER
redes_neurais	UNV	440	UNDER
arvore_decisao	UNV	30	UNDER
arvore_decisao	UNV	570	OVER
arvore_decisao	UNV	30	UNDER
arvore_decisao	UNV	570	OVER
redes_neurais	UNV	30	UNDER
redes_neurais	UNV	570	OVER
redes_neurais	UNV	30	UNDER
redes_neurais	UNV	570	OVER
arvore_decisao	UNV	590	UNDER
arvore_decisao	UNV	590	UNDER
redes_neurais	UNV	590	UNDER
redes_neurais	UNV	590	UNDER
arvore_decisao	UNV	540	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
arvore_decisao	UNV	540	OVER
redes_neurais	UNV	540	OVER
redes_neurais	UNV	540	OVER
support_vector	UNV	30	UNDER
support_vector	UNV	30	UNDER
arvore_decisao	UNV	110	UNDER
arvore_decisao	UNV	110	UNDER
redes_neurais	UNV	110	UNDER
redes_neurais	UNV	110	UNDER
arvore_decisao	UNV	140	OVER
arvore_decisao	UNV	680	OVER
arvore_decisao	UNV	140	OVER
arvore_decisao	UNV	680	OVER
arvore_decisao	UNV	680	OVER
redes_neurais	UNV	140	OVER
redes_neurais	UNV	680	OVER
redes_neurais	UNV	140	OVER
redes_neurais	UNV	680	OVER
arvore_decisao	UNV	770	UNDER
arvore_decisao	UNV	810	UNDER
arvore_decisao	UNV	770	UNDER
arvore_decisao	UNV	810	UNDER
redes_neurais	UNV	770	UNDER
redes_neurais	UNV	810	UNDER
redes_neurais	UNV	770	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
redes_neurais	UNV	810	UNDER
arvore_decisao	UNV	40	UNDER
arvore_decisao	UNV	40	UNDER
redes_neurais	UNV	40	UNDER
redes_neurais	UNV	40	UNDER
arvore_decisao	UNV	480	OVER
arvore_decisao	UNV	480	OVER
redes_neurais	UNV	480	OVER
redes_neurais	UNV	480	OVER
arvore_decisao	UNV	570	UNDER
arvore_decisao	UNV	570	UNDER
redes_neurais	UNV	570	UNDER
redes_neurais	UNV	570	UNDER
arvore_decisao	UNV	90	OVER
arvore_decisao	UNV	90	OVER
redes_neurais	UNV	90	OVER
redes_neurais	UNV	90	OVER
arvore_decisao	UNV	500	UNDER
arvore_decisao	UNV	500	UNDER
redes_neurais	UNV	500	UNDER
redes_neurais	UNV	500	UNDER
arvore_decisao	UNV	470	UNDER
arvore_decisao	UNV	470	UNDER
redes_neurais	UNV	470	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
redes_neurais	UNV	470	UNDER
arvore_decisao	UNV	910	OVER
arvore_decisao	UNV	910	OVER
redes_neurais	UNV	910	OVER
redes_neurais	UNV	910	OVER
arvore_decisao	UNV	820	OVER
arvore_decisao	UNV	820	OVER
redes_neurais	UNV	820	OVER
redes_neurais	UNV	820	OVER
arvore_decisao	UNV	170	UNDER
arvore_decisao	UNV	960	UNDER
arvore_decisao	UNV	1000	UNDER
arvore_decisao	UNV	170	UNDER
arvore_decisao	UNV	960	UNDER
arvore_decisao	UNV	1000	UNDER
redes_neurais	UNV	170	UNDER
redes_neurais	UNV	960	UNDER
redes_neurais	UNV	1000	UNDER
redes_neurais	UNV	170	UNDER
redes_neurais	UNV	960	UNDER
redes_neurais	UNV	1000	UNDER
arvore_decisao	UNV	550	OVER
arvore_decisao	UNV	550	OVER
redes_neurais	UNV	550	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – *Continuação da página anterior*

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
redes_neurais	UNV	550	OVER
arvore_decisao	UNV	950	OVER
arvore_decisao	UNV	950	OVER
redes_neurais	UNV	950	OVER
redes_neurais	UNV	950	OVER
arvore_decisao	UNV	120	UNDER
arvore_decisao	UNV	430	UNDER
arvore_decisao	UNV	120	UNDER
arvore_decisao	UNV	430	UNDER
redes_neurais	UNV	120	UNDER
redes_neurais	UNV	430	UNDER
redes_neurais	UNV	120	UNDER
redes_neurais	UNV	430	UNDER
arvore_decisao	UNV	200	UNDER
arvore_decisao	UNV	520	UNDER
arvore_decisao	UNV	630	UNDER
arvore_decisao	UNV	650	UNDER
arvore_decisao	UNV	200	UNDER
arvore_decisao	UNV	520	UNDER
arvore_decisao	UNV	630	UNDER
arvore_decisao	UNV	650	UNDER
redes_neurais	UNV	200	UNDER
redes_neurais	UNV	520	UNDER
redes_neurais	UNV	630	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
redes_neurais	UNV	650	UNDER
redes_neurais	UNV	200	UNDER
redes_neurais	UNV	520	UNDER
redes_neurais	UNV	630	UNDER
redes_neurais	UNV	650	UNDER
arvore_decisao	UNV	390	OVER
arvore_decisao	UNV	390	OVER
redes_neurais	UNV	390	OVER
redes_neurais	UNV	390	OVER
arvore_decisao	UNV	240	OVER
arvore_decisao	UNV	510	OVER
arvore_decisao	UNV	240	OVER
arvore_decisao	UNV	510	OVER
redes_neurais	UNV	240	OVER
redes_neurais	UNV	510	OVER
redes_neurais	UNV	240	OVER
redes_neurais	UNV	510	OVER
arvore_decisao	UNV	660	UNDER
arvore_decisao	UNV	660	UNDER
redes_neurais	UNV	660	UNDER
redes_neurais	UNV	660	UNDER
arvore_decisao	UNV	530	OVER
arvore_decisao	UNV	530	OVER
redes_neurais	UNV	530	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
redes_neurais	UNV	530	OVER
arvore_decisao	UNV	230	OVER
arvore_decisao	UNV	230	OVER
redes_neurais	UNV	230	OVER
redes_neurais	UNV	230	OVER
arvore_decisao	UNV	220	UNDER
arvore_decisao	UNV	220	UNDER
redes_neurais	UNV	220	UNDER
redes_neurais	UNV	220	UNDER
arvore_decisao	UNV	690	UNDER
arvore_decisao	UNV	690	UNDER
redes_neurais	UNV	690	UNDER
redes_neurais	UNV	690	UNDER
arvore_decisao	UNV	410	OVER
arvore_decisao	UNV	410	OVER
redes_neurais	UNV	410	OVER
redes_neurais	UNV	410	OVER
arvore_decisao	UNV	350	UNDER
arvore_decisao	UNV	350	UNDER
redes_neurais	UNV	350	UNDER
redes_neurais	UNV	350	UNDER
arvore_decisao	UNV	310	UNDER
arvore_decisao	UNV	310	UNDER
redes_neurais	UNV	310	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
redes_neurais	UNV	310	UNDER
arvore_decisao	UNV	400	OVER
arvore_decisao	UNV	400	OVER
redes_neurais	UNV	400	OVER
redes_neurais	UNV	400	OVER
arvore_decisao	UNV	580	OVER
arvore_decisao	UNV	580	OVER
redes_neurais	UNV	580	OVER
redes_neurais	UNV	580	OVER
arvore_decisao	UNV	670	OVER
arvore_decisao	UNV	670	OVER
redes_neurais	UNV	670	OVER
redes_neurais	UNV	670	OVER
arvore_decisao	UNV	550	UNDER
arvore_decisao	UNV	550	UNDER
redes_neurais	UNV	550	UNDER
redes_neurais	UNV	550	UNDER
arvore_decisao	UNV	270	UNDER
arvore_decisao	UNV	270	UNDER
redes_neurais	UNV	270	UNDER
redes_neurais	UNV	270	UNDER
arvore_decisao	UNV	700	UNDER
arvore_decisao	UNV	700	UNDER
redes_neurais	UNV	700	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
redes_neurais	UNV	700	UNDER
arvore_decisao	UNV	330	UNDER
arvore_decisao	UNV	620	UNDER
arvore_decisao	UNV	330	UNDER
arvore_decisao	UNV	620	UNDER
redes_neurais	UNV	330	UNDER
redes_neurais	UNV	620	UNDER
redes_neurais	UNV	330	UNDER
redes_neurais	UNV	620	UNDER
arvore_decisao	UNV	450	UNDER
redes_neurais	UNV	450	UNDER
redes_neurais	UNV	450	UNDER
arvore_decisao	UNV	20	OVER
arvore_decisao	UNV	20	OVER
redes_neurais	UNV	20	OVER
redes_neurais	UNV	20	OVER
arvore_decisao	UNV	480	UNDER
arvore_decisao	UNV	480	UNDER
redes_neurais	UNV	480	UNDER
redes_neurais	UNV	480	UNDER
arvore_decisao	UNV	10	OVER
arvore_decisao	UNV	10	OVER
redes_neurais	UNV	10	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – *Continuação da página anterior*

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balaceamento
redes_neurais	UNV	10	OVER
arvore_decisao	UNV	410	UNDER
arvore_decisao	UNV	410	UNDER
redes_neurais	UNV	410	UNDER
redes_neurais	UNV	410	UNDER
arvore_decisao	Metanalise	26	OVER
arvore_decisao	Metanalise	26	OVER
arvore_decisao	Metanalise	26	OVER
redes_neurais	Metanalise	26	OVER
redes_neurais	Metanalise	26	OVER
arvore_decisao	UNV	490	UNDER
arvore_decisao	UNV	490	UNDER
redes_neurais	UNV	490	UNDER
redes_neurais	UNV	490	UNDER
arvore_decisao	UNV	530	UNDER
arvore_decisao	UNV	560	UNDER
arvore_decisao	UNV	530	UNDER
arvore_decisao	UNV	560	UNDER
redes_neurais	UNV	530	UNDER
redes_neurais	UNV	560	UNDER
redes_neurais	UNV	560	UNDER
arvore_decisao	UNV	320	UNDER
arvore_decisao	UNV	320	UNDER
redes_neurais	UNV	320	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
redes_neurais	UNV	320	UNDER
arvore_decisao	UNV	470	OVER
arvore_decisao	UNV	470	OVER
redes_neurais	UNV	470	OVER
redes_neurais	UNV	470	OVER
arvore_decisao	UNV	420	UNDER
arvore_decisao	UNV	420	UNDER
redes_neurais	UNV	420	UNDER
redes_neurais	UNV	420	UNDER
arvore_decisao	UNV	580	UNDER
arvore_decisao	UNV	580	UNDER
arvore_decisao	UNV	680	UNDER
arvore_decisao	UNV	580	UNDER
redes_neurais	UNV	680	UNDER
redes_neurais	UNV	580	UNDER
redes_neurais	UNV	680	UNDER
redes_neurais	UNV	680	UNDER
arvore_decisao	UNV	510	UNDER
arvore_decisao	UNV	510	UNDER
redes_neurais	UNV	510	UNDER
redes_neurais	UNV	510	UNDER
arvore_decisao	UNV	600	UNDER
arvore_decisao	UNV	600	UNDER
redes_neurais	UNV	600	UNDER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – Continuação da página anterior

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
redes_neurais	UNV	600	UNDER
arvore_decisao	UNV	340	UNDER
arvore_decisao	UNV	360	UNDER
arvore_decisao	UNV	340	UNDER
arvore_decisao	UNV	360	UNDER
redes_neurais	UNV	340	UNDER
redes_neurais	UNV	360	UNDER
redes_neurais	UNV	340	UNDER
redes_neurais	UNV	360	UNDER
arvore_decisao	UNV	460	UNDER
arvore_decisao	UNV	460	UNDER
redes_neurais	UNV	460	UNDER
redes_neurais	UNV	460	UNDER
arvore_decisao	UNV	670	UNDER
arvore_decisao	UNV	670	UNDER
redes_neurais	UNV	670	UNDER
redes_neurais	UNV	670	UNDER
arvore_decisao	Expressao_Diferencial	25	UNDER
arvore_decisao	Expressao_Diferencial	25	UNDER
redes_neurais	Expressao_Diferencial	25	UNDER
redes_neurais	Expressao_Diferencial	25	UNDER
arvore_decisao	Expressao_Diferencial	25	OVER
arvore_decisao	Expressao_Diferencial	25	OVER
redes_neurais	Expressao_Diferencial	25	OVER

Continua na próxima página ...

Tabela B.1 – *Continuação da página anterior*

Modelo	Seleção de Features	Quantidade de Features	Balanceamento
redes_neurais	Expressao_Diferencial	25	OVER
regressao_logistica	Expressao_Diferencial	25	OVER
regressao_logistica	Expressao_Diferencial	19	UNDER
regressao_logistica	Expressao_Diferencial	19	OVER
regressao_logistica	Expressao_Diferencial	25	UNDER
regressao_logistica	Expressao_Diferencial	15	UNDER
support_vector	Expressao_Diferencial	25	UNDER
support_vector	Expressao_Diferencial	25	UNDER
regressao_logistica	Expressao_Diferencial	15	OVER
support_vector	Expressao_Diferencial	25	OVER
support_vector	Expressao_Diferencial	25	OVER

***APÊNDICE C – Enriquecimento Funcional com
base no Gene Ontology***

Tabela C.1: Enriquecimento funcional com base em **Processos Biológicos** (BP) do *Gene Ontology* dos transcritos pelo Modelo 1, descritos na Tabela A.1. A coluna **Anotados** refere-se ao total de transcritos associados à ontologia. **Assinatura** mostra apenas a quantidade de transcritos da assinatura em questão encontrados na ontologia. A coluna **p-valores** de significância da ontologia ajustados pelo método de *Fisher*. Consideramos como significativas ontologias com p-valores a 0,05.

GO.ID	Termo	Gene Ontology
GO:0000022	mitotic spindle elongation	mitotic spindle elongation
GO:0000070	mitotic sister chromatid segregation	mitotic sister chromatid segregation
GO:0000132	establishment of mitotic spindle orientation	establishment of mitotic spindle orientation
GO:0000226	microtubule cytoskeleton organization	microtubule cytoskeleton organization
GO:0000278	mitotic cell cycle	mitotic cell cycle
GO:0000280	nuclear division	nuclear division
GO:0000819	sister chromatid segregation	sister chromatid segregation
GO:0001573	ganglioside metabolic process	ganglioside metabolic process
GO:0001574	ganglioside biosynthetic process	ganglioside biosynthetic process
GO:0001894	tissue homeostasis	tissue homeostasis
GO:0002313	mature B cell differentiation involved in immune response	mature B cell differentiation involved in immune response
GO:0002335	mature B cell differentiation	mature B cell differentiation
GO:0003161	cardiac conduction system development	cardiac conduction system development
GO:0006040	amino sugar metabolic process	amino sugar metabolic process
GO:0006054	N-acetylneuraminate metabolic process	N-acetylneuraminate metabolic process
GO:0006091	generation of precursor metabolites and energy	generation of precursor metabolites and energy
GO:0006487	protein N-linked glycosylation	protein N-linked glycosylation
GO:0006687	glycosphingolipid metabolic process	glycosphingolipid metabolic process
GO:0006688	glycosphingolipid biosynthetic process	glycosphingolipid biosynthetic process

Tabela C.1 – Continuação da página anterior

GO.ID	Termo	GO
GO:0006760	follic acid-containing compound metabolic process	An
GO:0006826	iron ion transport	
GO:0006879	intracellular iron ion homeostasis	1
GO:0007010	cytoskeleton organization	
GO:0007017	microtubule-based process	s
GO:0007059	chromosome segregation	
GO:0007095	mitotic G2 DNA damage checkpoint signaling	1
GO:0007218	neuropeptide signaling pathway	
GO:0007566	embryo implantation	1
GO:0008015	blood circulation	
GO:0008608	attachment of spindle microtubules to kinetochore	1
GO:0009620	response to fungus	
GO:0009914	hormone transport	1
GO:0010038	response to metal ion	
GO:0010039	response to iron ion	1
GO:0010243	response to organonitrogen compound	
GO:0010628	positive regulation of gene expression	1
GO:0010644	cell communication by electrical coupling	
GO:0010706	ganglioside biosynthetic process via lactosylceramide	1
GO:0010971	positive regulation of G2/M transition of mitotic cell cycle	
GO:0010972	negative regulation of G2/M transition of mitotic cell cycle	1
GO:0014037	Schwann cell differentiation	
GO:0014047	glutamate secretion	

Continua na próxima página ...

Tabela C.1 – Continuação da página anterior

GO.ID	Termo	G An
GO:0014075	response to amine	
GO:0014706	striated muscle tissue development	
GO:0014823	response to activity	
GO:0015800	acidic amino acid transport	
GO:0015980	energy derivation by oxidation of organic compounds	
GO:0016032	viral process	
GO:0016264	gap junction assembly	
GO:0016266	O-glycan processing	
GO:0018146	keratan sulfate biosynthetic process	
GO:0018200	peptidyl-glutamic acid modification	
GO:0018410	C-terminal protein amino acid modification	
GO:0019082	viral protein processing	
GO:0019538	protein metabolic process	4
GO:0019933	cAMP-mediated signaling	1
GO:0019953	sexual reproduction	
GO:0023061	signal release	
GO:0030261	chromosome condensation	
GO:0030837	negative regulation of actin filament polymerization	
GO:0031100	animal organ regeneration	
GO:0032098	regulation of appetite	
GO:0032274	gonadotropin secretion	
GO:0032276	regulation of gonadotropin secretion	
GO:0032277	negative regulation of gonadotropin secretion	

Continua na próxima página ...

Tabela C.1 – Continuação da página anterior

GO.ID	Termo	GO
GO:0032467	positive regulation of cytokinesis	G
GO:0032507	maintenance of protein location in cell	
GO:0032881	regulation of polysaccharide metabolic process	An
GO:0033002	muscle cell proliferation	
GO:0033047	regulation of mitotic sister chromatid segregation	G
GO:0033059	cellular pigmentation	
GO:0034104	negative regulation of tissue remodeling	G
GO:0034501	protein localization to kinetochore	
GO:0034635	glutathione transport	G
GO:0034755	iron ion transmembrane transport	
GO:0034756	regulation of iron ion transport	G
GO:0034759	regulation of iron ion transmembrane transport	
GO:0034775	glutathione transmembrane transport	G
GO:0035608	protein deglutamylation	
GO:0035609	C-terminal protein deglutamylation	G
GO:0035633	maintenance of blood-brain barrier	
GO:0035929	steroid hormone secretion	G
GO:0035930	corticosteroid hormone secretion	
GO:0035933	glucocorticoid secretion	G
GO:0035934	corticosterone secretion	
GO:0036211	protein modification process	G
GO:0040001	establishment of mitotic spindle localization	
GO:0042306	regulation of protein import into nucleus	G

Continua na próxima página ...

Tabela C.1 – Continuação da página anterior

GO.ID	Termo	G An
GO:0042307	positive regulation of protein import into nucleus	
GO:0042339	keratan sulfate metabolic process	
GO:0042558	pteridine-containing compound metabolic process	
GO:0042908	xenobiotic transport	
GO:0042989	sequestering of actin monomers	
GO:0043030	regulation of macrophage activation	
GO:0043032	positive regulation of macrophage activation	
GO:0043170	macromolecule metabolic process	
GO:0043467	regulation of generation of precursor metabolites and energy	
GO:0043604	amide biosynthetic process	
GO:0043687	post-translational protein modification	
GO:0043949	regulation of cAMP-mediated signaling	
GO:0043950	positive regulation of cAMP-mediated signaling	
GO:0044057	regulation of system process	
GO:0044058	regulation of digestive system process	
GO:0044060	regulation of endocrine process	
GO:0044271	cellular nitrogen compound biosynthetic process	
GO:0044818	mitotic G2/M transition checkpoint	
GO:0045124	regulation of bone resorption	
GO:0045453	bone resorption	
GO:0045740	positive regulation of DNA replication	
GO:0045779	negative regulation of bone resorption	
GO:0045787	positive regulation of cell cycle	

Continua na próxima página ...

Tabela C.1 – Continuação da página anterior

GO.ID	Termo	G An
GO:0046513	ceramide biosynthetic process	
GO:0046622	positive regulation of organ growth	
GO:0046686	response to cadmium ion	
GO:0046688	response to copper ion	
GO:0046824	positive regulation of nucleocytoplasmic transport	
GO:0046849	bone remodeling	
GO:0046850	regulation of bone remodeling	
GO:0046851	negative regulation of bone remodeling	
GO:0046879	hormone secretion	
GO:0046883	regulation of hormone secretion	
GO:0046888	negative regulation of hormone secretion	
GO:0048285	organelle fission	
GO:0048308	organelle inheritance	
GO:0048313	Golgi inheritance	
GO:0048333	mesodermal cell differentiation	
GO:0048738	cardiac muscle tissue development	
GO:0048771	tissue remodeling	
GO:0050832	defense response to fungus	
GO:0050886	endocrine process	
GO:0050892	intestinal absorption	
GO:0051049	regulation of transport	
GO:0051051	negative regulation of transport	
GO:0051231	spindle elongation	

Continua na próxima página ...

Tabela C.1 – Continuação da página anterior

GO.ID	Termo	G An
GO:0051255	spindle midzone assembly	
GO:0051256	mitotic spindle midzone assembly	
GO:0051293	establishment of spindle localization	
GO:0051294	establishment of spindle orientation	
GO:0051653	spindle localization	
GO:0051656	establishment of organelle localization	
GO:0051984	positive regulation of chromosome segregation	
GO:0055012	ventricular cardiac muscle cell differentiation	
GO:0055015	ventricular cardiac muscle cell development	
GO:0055021	regulation of cardiac muscle tissue growth	
GO:0055023	positive regulation of cardiac muscle tissue growth	
GO:0060038	cardiac muscle cell proliferation	
GO:0060043	regulation of cardiac muscle cell proliferation	
GO:0060045	positive regulation of cardiac muscle cell proliferation	
GO:0060249	anatomical structure homeostasis	
GO:0060420	regulation of heart growth	
GO:0060421	positive regulation of heart growth	
GO:0060457	negative regulation of digestive system process	
GO:0060537	muscle tissue development	
GO:0060586	multicellular organismal-level iron ion homeostasis	
GO:0060986	endocrine hormone secretion	
GO:0061450	trophoblast cell migration	
GO:0062033	positive regulation of mitotic sister chromatid segregation	

Continua na próxima página ...

Tabela C.1 – Continuação da página anterior

GO.ID	Termo	G An
GO:0070228	regulation of lymphocyte apoptotic process	
GO:0070229	negative regulation of lymphocyte apoptotic process	
GO:0070231	T cell apoptotic process	
GO:0070232	regulation of T cell apoptotic process	
GO:0070233	negative regulation of T cell apoptotic process	
GO:0070301	cellular response to hydrogen peroxide	
GO:0070873	regulation of glycogen metabolic process	
GO:0071459	protein localization to chromosome, centromeric region	
GO:0086002	cardiac muscle cell action potential involved in contraction	
GO:0086014	atrial cardiac muscle cell action potential	
GO:0086019	cell-cell signaling involved in cardiac conduction	
GO:0086026	atrial cardiac muscle cell to AV node cell signaling	
GO:0086064	cell communication by electrical coupling involved in cardiac conduction	
GO:0086065	cell communication involved in cardiac conduction	
GO:0086066	atrial cardiac muscle cell to AV node cell communication	
GO:0090068	positive regulation of cell cycle process	
GO:0090166	Golgi disassembly	
GO:0090307	mitotic spindle assembly	
GO:0090713	immunological memory process	
GO:0090715	immunological memory formation process	
GO:0097503	stialylation	
GO:0098813	nuclear chromosome segregation	
GO:0140014	mitotic nuclear division	

Continua na próxima página ...

Tabela C.1 – Continuação da página anterior

GO.ID	Termo	G An
GO:0140353	lipid export from cell	
GO:1901163	regulation of trophoblast cell migration	
GO:1901164	negative regulation of trophoblast cell migration	
GO:1901564	organonitrogen compound metabolic process	5
GO:1901698	response to nitrogen compound	1
GO:1902750	negative regulation of cell cycle G2/M phase transition	
GO:1902751	positive regulation of cell cycle G2/M phase transition	
GO:1902850	microtubule cytoskeleton organization involved in mitosis	
GO:1903047	mitotic cell cycle process	
GO:1903083	protein localization to condensed chromosome	
GO:1904478	regulation of intestinal absorption	
GO:1904645	response to amyloid-beta	
GO:1904646	cellular response to amyloid-beta	
GO:1904707	positive regulation of vascular associated smooth muscle cell proliferation	
GO:1905330	regulation of morphogenesis of an epithelium	
GO:1905332	positive regulation of morphogenesis of an epithelium	
GO:1905446	regulation of mitochondrial ATP synthesis coupled electron transport	
GO:1905770	regulation of mesodermal cell differentiation	
GO:1990743	protein sialylation	
GO:2000107	negative regulation of leukocyte apoptotic process	
GO:2000648	positive regulation of stem cell proliferation	
GO:2000831	regulation of steroid hormone secretion	
GO:2000846	regulation of corticosteroid hormone secretion	

Continua na próxima página ...

Tabela C.1 – *Continuação da página anterior*

GO.ID	Termo	GO
GO:200849	regulation of glucocorticoid secretion	An

Tabela C.2: Enriquecimento funcional com base em **Processos Biológicos** (BP) do *Gene Ontology* dos transcritos pelo Modelo 2, descritos na Tabela A.2. A coluna **Anotados** refere-se ao total de transcritos associados à ontologia. **Assinatura** mostra apenas a quantidade de transcritos da assinatura em questão encontrados na ontologia. A coluna p-valores de significância da ontologia ajustados pelo método de *Fisher*. Consideramos como significativas ontologias com p-valores a 0,05.

GO.ID	Termo
GO:0000022	mitotic spindle elongation
GO:0000070	mitotic sister chromatid segregation
GO:0000075	cell cycle checkpoint signaling
GO:0000077	DNA damage checkpoint signaling
GO:0000132	establishment of mitotic spindle orientation
GO:0000226	microtubule cytoskeleton organization
GO:0000278	mitotic cell cycle
GO:0000819	sister chromatid segregation
GO:0001508	action potential
GO:0001573	ganglioside metabolic process
GO:0001574	ganglioside biosynthetic process
GO:0001894	tissue homeostasis
GO:0002063	chondrocyte development
GO:0002313	mature B cell differentiation involved in immune response
GO:0002335	mature B cell differentiation
GO:0003013	circulatory system process
GO:0003015	heart process
GO:0003161	cardiac conduction system development
GO:0006040	amino sugar metabolic process

Tabela C.2 – Continuação da página anterior

GO.ID	Termo
GO:0006054	N-acetylneuraminate metabolic process
GO:0006606	protein import into nucleus
GO:0006688	glycosphingolipid biosynthetic process
GO:0006760	folic acid-containing compound metabolic process
GO:0006941	striated muscle contraction
GO:0007010	cytoskeleton organization
GO:0007093	mitotic cell cycle checkpoint signaling
GO:0007095	mitotic G2 DNA damage checkpoint signaling
GO:0007218	neuropeptide signaling pathway
GO:0007259	receptor signaling pathway via JAK-STAT
GO:0008015	blood circulation
GO:0008016	regulation of heart contraction
GO:0009913	epidermal cell differentiation
GO:0010035	response to inorganic substance
GO:0010038	response to metal ion
GO:0010039	response to iron ion
GO:0010224	response to UV-B
GO:0010564	regulation of cell cycle process
GO:0010644	cell communication by electrical coupling
GO:0010656	negative regulation of muscle cell apoptotic process
GO:0010659	cardiac muscle cell apoptotic process
GO:0010662	regulation of striated muscle cell apoptotic process
GO:0010664	negative regulation of striated muscle cell apoptotic process

Continua na próxima página ...

Tabela C.2 – *Continuação da página anterior*

GO.ID	Termo
GO:0010665	regulation of cardiac muscle cell apoptotic process
GO:0010667	negative regulation of cardiac muscle cell apoptotic process
GO:0010706	ganglioside biosynthetic process via lactosylceramide
GO:0010817	regulation of hormone levels
GO:0010948	negative regulation of cell cycle process
GO:0010971	positive regulation of G2/M transition of mitotic cell cycle
GO:0014037	Schwann cell differentiation
GO:0014047	glutamate secretion
GO:0014706	striated muscle tissue development
GO:0016264	gap junction assembly
GO:0016266	O-glycan processing
GO:0018146	keratan sulfate biosynthetic process
GO:0018149	peptide cross-linking
GO:0018200	peptidyl-L-glutamic acid modification
GO:0018410	C-terminal protein amino acid modification
GO:0019082	viral protein processing
GO:0019433	triglyceride catabolic process
GO:0019538	protein metabolic process
GO:0030002	intracellular monoatomic anion homeostasis
GO:0030029	actin filament-based process
GO:0030048	actin filament-based movement
GO:0030216	keratinocyte differentiation
GO:0030279	negative regulation of ossification

Continua na próxima página ...

Tabela C.2 – Continuação da página anterior

GO.ID	Termo
GO:0030502	negative regulation of bone mineralization
GO:0030644	intracellular chloride ion homeostasis
GO:0031424	keratinization
GO:0031570	DNA integrity checkpoint signaling
GO:0032098	regulation of appetite
GO:0032196	transposition
GO:0032274	gonadotropin secretion
GO:0032276	regulation of gonadotropin secretion
GO:0032277	negative regulation of gonadotropin secretion
GO:0032331	negative regulation of chondrocyte differentiation
GO:0033002	muscle cell proliferation
GO:0033044	regulation of chromosome organization
GO:0034104	negative regulation of tissue remodeling
GO:0034501	protein localization to kinetochore
GO:0034504	protein localization to nucleus
GO:0034635	glutathione transport
GO:0034755	iron ion transmembrane transport
GO:0034756	regulation of iron ion transport
GO:0034759	regulation of iron ion transmembrane transport
GO:0034763	negative regulation of transmembrane transport
GO:0034766	negative regulation of monoatomic ion transmembrane transport
GO:0034775	glutathione transmembrane transport
GO:0035608	protein deglutamylation

Continua na próxima página ...

Tabela C.2 – Continuação da página anterior

GO.ID	Termo
GO:0035609	C-terminal protein deglutamylation
GO:0035630	bone mineralization involved in bone maturation
GO:0035633	maintenance of blood-brain barrier
GO:0035929	steroid hormone secretion
GO:0035930	corticosteroid hormone secretion
GO:0035933	glucocorticoid secretion
GO:0035934	corticosterone secretion
GO:0040001	establishment of mitotic spindle localization
GO:0042307	positive regulation of protein import into nucleus
GO:0042339	keratan sulfate metabolic process
GO:0042558	pteridine-containing compound metabolic process
GO:0042592	homeostatic process
GO:0042770	signal transduction in response to DNA damage
GO:0042989	sequestering of actin monomers
GO:0043032	positive regulation of macrophage activation
GO:0043267	negative regulation of potassium ion transport
GO:0043271	negative regulation of monoatomic ion transport
GO:0043467	regulation of generation of precursor metabolites and energy
GO:0043931	ossification involved in bone maturation
GO:0043949	regulation of cAMP-mediated signaling
GO:0043950	positive regulation of cAMP-mediated signaling
GO:0044057	regulation of system process
GO:0044058	regulation of digestive system process

Continua na próxima página ...

Tabela C.2 – *Continuação da página anterior*

GO.ID	Termo
GO:0044060	regulation of endocrine process
GO:0044773	mitotic DNA damage checkpoint signaling
GO:0044774	mitotic DNA integrity checkpoint signaling
GO:0045124	regulation of bone resorption
GO:0045740	positive regulation of DNA replication
GO:0045779	negative regulation of bone resorption
GO:0045787	positive regulation of cell cycle
GO:0045930	negative regulation of mitotic cell cycle
GO:0045931	positive regulation of mitotic cell cycle
GO:0046461	neutral lipid catabolic process
GO:0046464	acylglycerol catabolic process
GO:0046688	response to copper ion
GO:0046849	bone remodeling
GO:0046851	negative regulation of bone remodeling
GO:0046879	hormone secretion
GO:0046883	regulation of hormone secretion
GO:0048308	organelle inheritance
GO:0048313	Golgi inheritance
GO:0048333	mesodermal cell differentiation
GO:0048738	cardiac muscle tissue development
GO:0048771	tissue remodeling
GO:0048799	animal organ maturation
GO:0048878	chemical homeostasis

Continua na próxima página ...

Tabela C.2 – *Continuação da página anterior*

GO.ID	Termo
GO:0050886	endocrine process
GO:0050892	intestinal absorption
GO:0051049	regulation of transport
GO:0051051	negative regulation of transport
GO:0051054	positive regulation of DNA metabolic process
GO:0051170	import into nucleus
GO:0051231	spindle elongation
GO:0051241	negative regulation of multicellular organismal process
GO:0051255	spindle midzone assembly
GO:0051256	mitotic spindle midzone assembly
GO:0051276	chromosome organization
GO:0051294	establishment of spindle orientation
GO:0051984	positive regulation of chromosome segregation
GO:0055012	ventricular cardiac muscle cell differentiation
GO:0055015	ventricular cardiac muscle cell development
GO:0055023	positive regulation of cardiac muscle tissue growth
GO:0055064	chloride ion homeostasis
GO:0055081	monoatomic anion homeostasis
GO:0060045	positive regulation of cardiac muscle cell proliferation
GO:0060047	heart contraction
GO:0060048	cardiac muscle contraction
GO:0060249	anatomical structure homeostasis
GO:0060306	regulation of membrane repolarization

Continua na próxima página ...

Tabela C.2 – Continuação da página anterior

GO.ID	Termo
GO:0060307	regulation of ventricular cardiac muscle cell membrane repolarization
GO:0060348	bone development
GO:0060421	positive regulation of heart growth
GO:0060429	epithelium development
GO:0060457	negative regulation of digestive system process
GO:0060586	multicellular organismal-level iron ion homeostasis
GO:0060986	endocrine hormone secretion
GO:0061037	negative regulation of cartilage development
GO:0061181	regulation of chondrocyte development
GO:0061337	cardiac conduction
GO:0061450	trophoblast cell migration
GO:0062033	positive regulation of mitotic sister chromatid segregation
GO:0070168	negative regulation of biomineral tissue development
GO:0070229	negative regulation of lymphocyte apoptotic process
GO:0070232	regulation of T cell apoptotic process
GO:0070233	negative regulation of T cell apoptotic process
GO:0070252	actin-mediated cell contraction
GO:0070873	regulation of glycogen metabolic process
GO:0070977	bone maturation
GO:0071459	protein localization to chromosome, centromeric region
GO:0086001	cardiac muscle cell action potential
GO:0086002	cardiac muscle cell action potential involved in contraction
GO:0086003	cardiac muscle cell contraction

Continua na próxima página ...

Tabela C.2 – Continuação da página anterior

GO.ID	Termo
GO:0086005	ventricular cardiac muscle cell action potential
GO:0086011	membrane repolarization during action potential
GO:0086013	membrane repolarization during cardiac muscle cell action potential
GO:0086014	atrial cardiac muscle cell action potential
GO:0086019	cell-cell signaling involved in cardiac conduction
GO:0086026	atrial cardiac muscle cell to AV node cell signaling
GO:0086064	cell communication by electrical coupling involved in cardiac conduction
GO:0086066	atrial cardiac muscle cell to AV node cell communication
GO:0086091	regulation of heart rate by cardiac conduction
GO:0090068	positive regulation of cell cycle process
GO:0090166	Golgi disassembly
GO:0090713	immunological memory process
GO:0090715	immunological memory formation process
GO:0097503	sialylation
GO:0097623	potassium ion export across plasma membrane
GO:0097696	receptor signaling pathway via STAT
GO:0098813	nuclear chromosome segregation
GO:0098903	regulation of membrane repolarization during action potential
GO:0098915	membrane repolarization during ventricular cardiac muscle cell action potential
GO:0099622	cardiac muscle cell membrane repolarization
GO:0099623	regulation of cardiac muscle cell membrane repolarization
GO:0099625	ventricular cardiac muscle cell membrane repolarization
GO:0140014	mitotic nuclear division

Continua na próxima página ...

Tabela C.2 – Continuação da página anterior

GO.ID	Termo
GO:0140115	export across plasma membrane
GO:1900157	regulation of bone mineralization involved in bone maturation
GO:1901017	negative regulation of potassium ion transmembrane transporter activity
GO:1901163	regulation of trophoblast cell migration
GO:1901164	negative regulation of trophoblast cell migration
GO:1901380	negative regulation of potassium ion transmembrane transport
GO:1901977	negative regulation of cell cycle checkpoint
GO:1901988	negative regulation of cell cycle phase transition
GO:1901989	positive regulation of cell cycle phase transition
GO:1902259	regulation of delayed rectifier potassium channel activity
GO:1902260	negative regulation of delayed rectifier potassium channel activity
GO:1902751	positive regulation of cell cycle G2/M phase transition
GO:1902850	microtubule cytoskeleton organization involved in mitosis
GO:1903047	mitotic cell cycle process
GO:1903083	protein localization to condensed chromosome
GO:1903522	regulation of blood circulation
GO:1903764	regulation of potassium ion export across plasma membrane
GO:1903817	negative regulation of voltage-gated potassium channel activity
GO:1904062	regulation of monoatomic cation transmembrane transport
GO:1904063	negative regulation of cation transmembrane transport
GO:1904478	regulation of intestinal absorption
GO:1904646	cellular response to amyloid-beta
GO:1905031	regulation of membrane repolarization during cardiac muscle cell action potential

Continua na próxima página ...

Tabela C.2 – *Continuação da página anterior*

GO.ID	Termo
GO:1905332	positive regulation of morphogenesis of an epithelium
GO:1905446	regulation of mitochondrial ATP synthesis coupled electron transport
GO:1905770	regulation of mesodermal cell differentiation
GO:1990743	protein sialylation
GO:2000001	regulation of DNA damage checkpoint
GO:2000831	regulation of steroid hormone secretion
GO:2000846	regulation of corticosteroid hormone secretion
GO:2000849	regulation of glucocorticoid secretion
GO:2001252	positive regulation of chromosome organization

***APÊNDICE D – Enriquecimento Funcional com
base em bancos de dados de doenças***

Tabela D.1: Enriquecimento funcional do Modelo 1, com transcritos descritos pela Tabela A.1, a partir do banco de dados *NCBI*, acessado pelo pacote *DOSE* da linguagem R.

ID	Descrição	qValor	Transcritos A
lung adenocarcinoma	lung adenocarcinoma	0,030490	FOLH
lung_cancer_(all_histologies)	lung_cancer_(all_histologies)	0,030490	MCH

Tabela D.2: Enriquecimento funcional do Modelo 1, com transcritos descritos pela Tabela A.1, a partir do banco de acessado pelo pacote *DOSE* da linguagem R.

ID	Descrição	qValor	Transcritos Ass
DOID:417	autoimmune disease	0.04152	GJA1/POMC/ST3G
DOID:820	myocarditis	0.04152	GJA1/HAN
DOID:3978	extrinsic cardiomyopathy	0.04152	GJA1/HAN

Tabela D.3: Enriquecimento funcional do Modelo 1, com transcritos descritos pela Tabela A.1, a partir do banco de dados (DGN), acessado pelo pacote *DOSE* da linguagem R.

ID	Descrição
C0432474	Klinefelter's syndrome - male with more than two X chromosomes
C0242350	
C0162568	Erectile dysfunction
C0022735	Erythropoietic Protoporphyrria
C0860594	Klinefelter Syndrome
C0234252	
C0027497	Malignant melanoma, metastatic
C0221106	Mechanical pain
C0002622	
C0428908	Nausea
C0028756	Alkalemia
C1658953	Amnesia
C0375071	Sinus Node Dysfunction (disorder)
C0264716	
C0024537	Obesity, Morbid
C2826323	tumor vasculature
C0234251	Malignant neoplasm of vulva
C0345958	Chronic heart failure
C0020175	Malaria, Vivax
C1402294	Refractory Cytopenia of Childhood
C0085207	
C0033575	Inflammatory pain
	Large cell carcinoma of lung
	Hunger
	Primary Lesion
	Gestational Diabetes
	Prostatic Diseases

Continua na próxima página ...

Tabela D.3 – Continuação da página anterior

ID	Descrição
C0037771	Paraparesis, Spastic
C0595936	Aqueous Humor Disorders
C0871189	Psychotic symptom
C0086237	Epilepsy, Cryptogenic
C0001624	Adrenal Gland Neoplasms
C1265996	Large cell neuroendocrine carcinoma
C0002893	Refractory anemias
C0178417	Anhedonia
C0149978	Adenocarcinoma of rectum
C1378050	Oncoecytic Neoplasm
C1258666	Myxoid cyst
C2676033	Hepatoblastoma Caused By Somatic Mutation
C0019693	HIV Infections
C0282160	Aplasia Cutis Congenita
C1510502	Oxyphilic Adenoma
C0003164	Anthracosilicosis
C0014493	Epidemic keratoconjunctivitis
C0032787	Postoperative Complications
C0041782	Deficiency anemias
C0240129	Knee stiff
C0242217	Calcium Pyrophosphate Dihydrate Deposition
C0267990	Adult-onset obesity
C0334460	Elastofibroma

Continua na próxima página ...

Tabela D.3 – Continuação da página anterior

ID	Descrição
C0340434	Dystrophic cardiomyopathy
C0342396	Idiopathic hypopituitarism
C1291245	Cortisone reductase deficiency
C1632842	Complicated appendicitis
C1735608	SLE flare
C2188153	Undifferentiated/Unclassified Sarcoma
C2675014	Mullerian Aplasia and Hyperandrogenism
C2919341	Edema of dorsum of foot
C3665333	Keratitis-Ichthyosis-Deafness Syndrome
C4021633	Patchy palmoplantar keroderma
C4023583	Abnormality of iron homeostasis
C4025670	Abnormality of chromosome segregation
C4331824	Autosomal Dominant Neurohypophyseal Diabetes Insipidus
C4521591	Peripheral precocious puberty
C4727182	Recurrent Cushing Disease
C0035258	Restless Legs Syndrome
C0342443	Adrenal Cushing's syndrome
C0162429	Malnutrition
C0010481	Cushing Syndrome
C0677944	Sentinel node (disorder)
C0002625	Amnesic Disorder
C0025064	Mediastinitis
C0085270	Orbital Pseudotumor

Continua na próxima página ...

Tabela D.3 – Continuação da página anterior

ID	Descrição
C0238158	Secondary hemochromatosis
C0332601	Cushingoid facies
C0403398	Steroid-dependent nephrotic syndrome
C0553558	Jackknife Seizures
C0740577	Acute abdominal pain
C1257861	Colonic Inertia
C1510446	Acute ischemic heart disease
C1527306	spasmus nutans
C1955743	Mineralocorticoid deficiency
C1956415	Paroxysmal nocturnal dyspnea
C2937224	Constitutional obesity
C3665628	Hypomineralization of enamel of tooth
C4021630	Broad long bones
C4023710	Palmar hyperkeratosis
C0020433	Hyperbilirubinemia
C1136033	Cutaneous Mastocytosis
C0002875	Cooley's anemia
C0020507	Hyperplasia
C1853926	NONAKA MYOPATHY
C0021053	Immune System Diseases
C0038644	Sudden infant death syndrome
C0027429	Nasal obstruction present finding
C0154437	Atypical depressive disorder

Continua na próxima página ...

Tabela D.3 – Continuação da página anterior

ID	Descrição
C0237326	Dyschezia
C0238159	Hemoglobin E disease
C0238258	Lymphangiitis carcinomatosa
C0263978	Disorder of soft tissue
C0268285	Adrenal hyperplasia, congenital, type 5
C0302810	Uremia syndrome
C0342500	Adrenal mass
C0702157	Thalassemia trait
C0751508	Long Sleeper Syndrome
C0751510	Sleep-Related Neurogenic Tachypnea
C0751511	Subwakefulness Syndrome
C0752244	Rathke Cleft Cysts
C1336746	Thymic Carcinoid Tumor
C1336861	Undifferentiated Pancreatic Carcinoma
C1862152	Aplasia/Hypoplasia of the middle phalanges of the hand
C2986550	Pituitoma
C3273033	Well Differentiated Hepatocellular Carcinoma
C3714873	Axenfeld-Rieger Syndrome, Type 1
C4013426	Bronchial carcinoid
C4021885	Atrial cardiomyopathy
C0020429	Hyperalgesia
C0015814	Femur Head Necrosis
C0019114	Hemosiderosis

Continua na próxima página ...

Tabela D.3 – Continuação da página anterior

ID	Descrição
C0152441	Madelung Deformity
C0270742	Athetoid cerebral palsy
C0271933	Congenital dyserythropoietic anemia, type I
C0338478	Idiopathic Myoclonic Epilepsy
C0338479	Symptomatic Myoclonic Epilepsy
C0342471	3 beta-Hydroxysteroid dehydrogenase deficiency
C0344760	Congenital atresia of mitral valve
C0393695	Early Childhood Epilepsy, Myoclonic
C0393698	Cryptogenic Infantile Spasms
C0393699	Symptomatic Infantile Spasms
C0546878	Nodding spasm
C0751120	Benign Infantile Myoclonic Epilepsy
C0751339	Myasthenia Gravis, Generalized
C0751509	Short Sleeper Syndrome
C0878682	Ceruloplasmin deficiency
C0948120	Hepatic siderosis
C1291557	Deficiency of lyase
C1300585	Small cell carcinoma of prostate
C1332562	Bladder Paraganglioma
C1835095	Macrodonia of permanent maxillary central incisor
C1955741	Glucocorticoid deficiency
C1970308	Selective tooth agenesis
C3826743	Anemia in children

Continua na próxima página ...

Tabela D.3 – Continuação da página anterior

ID	Descrição
C4476786	Testicular adrenal rest tumor
C4696948	Trauma symptoms
C0314719	Dryness of eye
C0280324	Laryngeal Squamous Cell Carcinoma
C0013238	Dry Eye Syndromes
C0282687	Hemorrhagic Fever, Ebola
C0001621	Adrenal Gland Diseases
C0238261	Lymphedema praecox
C0239803	Red hair
C0240182	Leukonychia
C0344735	Partial atrioventricular canal
C0432330	Erythrokeratoderma
C0750197	Sustained ventricular tachycardia
C0854248	Pneumonia due to Gram negative bacteria
C1298685	Chronic pain syndrome
C1334260	Intramuscular Myxoma
C1709286	Null Cell Pituitary Gland Adenoma
C1855284	Intrahepatic biliary atresia
C2063389	Retroperitoneal liposarcoma
C3266843	47, XYY syndrome
C3554225	LEPTIN RECEPTOR DEFICIENCY
C3669121	11-Beta-hydroxylase deficiency
C3805143	Non-transfusion dependent thalassemia

Continua na próxima página ...

Tabela D.3 – Continuação da página anterior

ID	Descrição
C4025898	Functional abnormality of male internal genitalia
C4054695	Familial glucocorticoid deficiency
C4274084	Pelizaeus Merzbacher like disease
C4505390	Heroin Smoking
C4551693	Wolfram Syndrome 1
C0020437	Hypercalcemia
C0030421	Paraganglioma
C0085762	Alcohol abuse
C0018378	Guillain-Barre Syndrome
C0041408	Turner Syndrome
C2938924	Oestrogen receptor positive breast cancer
C0031157	Peritonsillar Abscess
C0042111	Urticaria Pigmentosa
C0151827	Eye pain
C0151900	Serum iron raised
C0268292	Congenital adrenal hyperplasia due to 11-Beta-hydroxylase deficie
C0271583	ACTH Deficiency, Isolated
C0276093	edema disease
C0340968	Deficiency of pyruvate kinase
C0393703	Myoclonic Absence Epilepsy
C0751117	Cryptogenic Tonic-Clonic Epilepsy
C0751118	Epilepsy, Tonic-Clonic, Familial
C0751119	Epilepsy, Tonic-Clonic, Symptomatic

Continua na próxima página ...

Tabela D.3 – Continuação da página anterior

ID	Descrição
C1704328	Osteoblastic Osteosarcoma
C1832451	Cranial hyperostosis
C1833213	Hyperferritinemia, hereditary, with congenital cataracts
C1849540	Delayed eruption of permanent teeth
C1851059	Broad columella
C1857500	Broad alveolar ridges
C2930995	Dyschromatosis universalis hereditaria
C4025750	Abnormality of the nasopharynx
C4324314	Primary familial brain calcification
C0015967	Fever
C0949541	Hurthle Cell Tumor
C1292753	Primary Effusion Lymphoma
C0001231	ACTH Syndrome, Ectopic
C0040149	Subacute thyroiditis
C0272394	Disorder of lymph node
C0279682	Bladder Adenocarcinoma
C0342386	Follicle stimulating hormone deficiency
C0438414	Myoclonic Encephalopathy
C0862636	Adenocarcinoma of the prostate metastatic
C0917800	Epilepsy, Myoclonic, Infantile
C1142276	Renal anemia
C1274700	Postmenopausal frontal fibrosing alopecia
C1275592	Funistitis (disorder)

Continua na próxima página ...

Tabela D.3 – Continuação da página anterior

ID	Descrição
C1333768	Gastric Gastrointestinal Stromal Tumor
C1859846	
C4020952	Childhood-onset truncal obesity
C4021787	Fingernail dysplasia
C4054476	Abnormal diaphysis morphology
C4255374	Monogenic Obesity
C4703554	Frontal fibrosing alopecia
C0238198	Increased waist to hip ratio
C0221505	Gastrointestinal Stromal Tumors
C0022408	
C0221505	Lesion of brain
C0022408	Arthropathy
C0220668	Congenital contractural arachnodactyly
C1096063	
C0012817	Drug Resistant Epilepsy
C0041364	Diverticulum
C0085581	Tumor Lysis Syndrome
C0271738	Restrictive lung disease
C0277960	Hypocortisolism secondary to another disorder
C0342513	
C0410574	Dry hair
C0457193	Idiopathic hirsutism
C0683357	Synovial Hypertrophy
C0812437	Soft tissue mass
C0859886	Excessive drinking
	Oculo-dento-digital syndrome
	Inherited hearing loss

Continua na próxima página ...

Tabela D.3 – Continuação da página anterior

ID	Descrição
C0948775	High weight
C1096452	Neonatal Early-Onset Sepsis
C1565321	Cholera Infantum
C2062372	Adrenal hyperplasia, bilateral
C4022947	Decreased resting energy expenditure
C4042891	Sleep Wake Disorders
C4049650	Familial Glucocorticoid Deficiency Type 1
C0205647	Follicular adenoma
C1266042	Chromophobe Renal Cell Carcinoma
C0015469	Facial paralysis
C0243038	Carcinoma, Lewis Lung
C2362324	Pediatric Obesity
C0001614	Adrenal Cortex Diseases
C0018522	Hallermann's Syndrome
C0029810	Other specified iron deficiency anemias
C0265961	Erythrokerodermia variabilis
C0338596	Spastic cerebral palsy
C0346300	Pituitary carcinoma
C0346991	Secondary malignant neoplasm of omentum
C0346993	Secondary malignant neoplasm of female breast
C0595905	cortex bone disorders
C0686346	Gender Dysphoria
C2609247	Adrenal incidentaloma

Continua na próxima página ...

Tabela D.3 – Continuação da página anterior

ID	Descrição
C0278488	Carcinoma breast stage IV
C4049446	Neointimal hyperplasia
C0018213	Graves Disease
C0275518	Acute infectious disease
C0002768	Congenital Pain Insensitivity
C0021141	Inappropriate ADHD Syndrome
C0221100	Hangover from any Alcohol or Other Drugs substance
C0235357	Hypoplasia of teeth
C0242788	Breast Neoplasms, Male
C0280089	Carcinoid tumor of lung
C0342495	Macronodular adrenal hyperplasia
C0344505	Alacrima
C0393626	Opsoclonus-Myoclonus Syndrome
C0524988	Schnitzler Syndrome
C0948268	Hemodynamic instability
C1656427	Early onset schizophrenia
C1832033	Adult Subependymal Giant Cell Astrocytoma
C1832034	Childhood Subependymal Giant Cell Astrocytoma
C0003125	Anorexia Nervosa
C0003868	Arthritis, Gouty
C0018099	Gout
C0012715	Iron Metabolism Disorders
C0030196	Pain in limb

Continua na próxima página ...

Tabela D.3 – Continuação da página anterior

ID	Descrição
C0033802	Pseudogout
C0151594	Hemorrhagic diarrhea
C0233612	Waxy flexibility
C0555278	Cerebral metastasis
C1387532	Chronic hemolytic anemia
C1850256	Median cleft lip
C3713420	Familial Hyperaldosteronism
C389877	hormone-resistant prostate cancer
C4331229	Recurrent Glioma
C4479709	FCD IIB
C0241910	Autoimmune Chronic Hepatitis
C3714948	PACHYONYCHIA CONGENITA 3
C0150055	Chronic pain
C0020676	Hypothyroidism
C0035411	Rhabdomyoma
C0039584	Testicular Diseases
C0041972	Urethral Obstruction
C0206635	Myelolipoma
C0235522	Disorder of vein
C0342527	Deficiency of testosterone biosynthesis
C0393702	Myoclonic Astatic Epilepsy
C0393756	Hangover from alcohol
C0597984	Biliary stricture

Continua na próxima página ...

Tabela D.3 – Continuação da página anterior

ID	Descrição
C1291314	Deficiency of monooxygenase
C3279547	Hyperegranulosis
C4021020	Non-midline cleft lip
C4053775	Pituitary stalk interruption syndrome
C4054325	Obesity Related Glomerulopathy
C0175754	Agensis of corpus callosum
C0042029	Urinary tract infection
C0270824	Visual seizure
C0011269	Dementia, Vascular
C0221056	Adult type dermatomyositis
C0085578	Thalassemia Minor
C0233750	Hysterical amnesia
C0233796	Temporary Amnesia
C0236795	Dissociative Amnesia
C0262497	Global Amnesia
C0268060	Juvenile hemochromatosis
C0271742	Glucocorticoid deficiency with achalasia
C0281658	Intraocular Lymphoma
C0426422	Narrow nose
C0472761	Homozygous alpha thalassemia
C0543698	Hypersensitive syndrome
C0750906	Tactile Amnesia
C0750907	Amnesic State

Continua na próxima página ...

Tabela D.3 – Continuação da página anterior

ID	Descrição
C0751340	Myasthenia Gravis, Ocular
C1834060	Short middle phalanx of the 5th finger
C1844573	Large earlobe
C1856119	Low hanging columella
C2584620	Thrombophilia, hereditary
C3541517	ECTODERMAL DYSPLASIA 11A, HYPOHIDROTIC/HAIR/TOOTH TYPE, AUTOSOMAL RECESSIVE
C3888065	ECTODERMAL DYSPLASIA 10A, HYPOHIDROTIC/HAIR/NAIL TYPE, AUTOSOMAL RECESSIVE
C4749274	Chuvash erythrocytosis
C4759295	Non-metastatic prostate cancer
C1306837	Papillary Renal Cell Carcinoma
C0020595	Hypoadosteronism
C0151565	Hemorrhagic colitis
C0272051	Xerocytosis
C0278080	Physical addiction
C0342546	Premature adrenarche
C0600467	Neurogenic Inflammation
C0740340	Amyloidosis, Familial
C0748073	psychosocial stressor
C0856120	Multiple sclerosis relapse
C1842878	Short 5th finger
C0019348	Herpes Simplex Infections
C0019158	Hepatitis
C0014378	Enterovirus Infections

Continua na próxima página ...

Tabela D.3 – Continuação da página anterior

ID	Descrição
C0041696	Unipolar Depression
C0014549	Tonic-Clonic Epilepsy
C0014800	Erythroid hyperplasia
C0086651	Mucopolysaccharidosis, MPS-IV-A
C0340375	Subaortic stenosis
C0342409	Hypophysitis
C0750887	Adrenal Cancer
C0877056	Hypoglycemic seizures
C0948387	Secondary Adrenal Insufficiency
C1861455	STOMATOCTOSIS I
C3178789	Widespread Chronic Pain
C0002874	Aplastic Anemia
C0262655	Recurrent urinary tract infection
C0011633	Dermatomyositis
C0003123	Anorexia
C0023241	Legionnaires' Disease
C0149520	Acute Cholecystitis
C0162530	Porphyrin, Erythropoietic
C0266052	Precocious exfoliation of primary tooth
C0342549	Familial Testotoxicosis
C0406557	Poikiloderma of Kindler
C0858321	Plasmodium vivax infection
C1704421	Skin Pigmentation Disorder

Continua na próxima página ...

Tabela D.3 – Continuação da página anterior

ID	Descrição
C4021254	Cutaneous finger syndactyly
C0026265	Diseases of mitral valve
C0268070	Hypocupremia
C0268353	Cutis laxa, x-linked
C0751689	Peripheral Nerve Sheath Neoplasm
C1389280	Basal ganglia calcification
C1516061	Astler-Coller B1 Rectal Carcinoma
C3495488	Axenfeld-Rieger syndrome
C0275524	Coinfection
C0004509	Azoospermia
C1328504	Hormone refractory prostate cancer
C0333463	Senile Plaques
C0016048	Fibromatosis
C0037061	Siderosis
C0086209	Emotional Stress
C0232849	Bladder pain
C0600241	heroin abuse
C2931404	Albright's hereditary osteodystrophy
C3874381	Childhood nephrotic syndrome
C3887949	Apparent mineralocorticoid excess
C4087397	Mammary gland tumor
C4304832	Primary pigmented nodular adrenocortical disease
C0021670	insulinoma

Continua na próxima página ...

Tabela D.3 – Continuação da página anterior

ID	Descrição
C0019025	Hemoglobin F Disease
C0028961	
C0155552	Hearing Loss, Mixed Conductive-Sensorineural
C0155707	
C0238124	
C0241013	
C0740451	Increased serum ferritin
C1846223	
C1855739	Granulomatous disorder
C1865992	
C0006023	Adrenal hypoplasia
C0013423	
C0221052	Indifference to Pain, Congenital, Autosomal Recessive
C0232513	
C0265294	
C0272139	Short hallux
C0342388	
C0558165	Borna Disease
C1266005	
C1527352	Dystonia Musculorum Deformans
C3164407	
C3539920	Chronic berylliosis
C3887494	
	Premature tooth loss
	Pyle metaphyseal dysplasia
	Erythrocytosis due to low atmospheric pressure
	Adrenocorticotrophic hormone (ACTH) deficiency (disorder)
	Curly hair (finding)
	Basaloid squamous cell carcinoma
	Hepatic Form of Wilson Disease
	Oligosathenozoospermia
	ECTODERMAL DYSPLASIA IIB, HYPOHIDROTIC/HAIR/TOOTH TYPE, AUTOC
	ECTODERMAL DYSPLASIA IOB, HYPOHIDROTIC/HAIR/TOOTH TYPE, AUTOC

Continua na próxima página ...

Tabela D.3 – Continuação da página anterior

ID	Descrição
C0018553	Hamartoma Syndrome, Multiple
C0555198	Malignant Glioma
C0002881	Anemia, Hemolytic, Congenital
C0025218	Chloasma
C0030779	Pelger-Huet Anomaly
C0234253	Rest pain
C0340489	Lone atrial fibrillation
C0342494	Adrenocortical hyperplasia
C0410005	Nodular fasciitis
C1865343	OSSIFICATION OF THE POSTERIOR LONGITUDINAL LIGAMENT
C1868085	Craniofacial hyperostosis
C3854388	Hyperferritinaemia
C4046029	Mental Disorders, Severe
C4552011	Gonadotropin deficiency
C0018800	Cardiomegaly
C0022541	Kearns-Sayre syndrome
C0032708	Disorders of Porphyrin Metabolism
C0085614	First degree atrioventricular block
C0152164	Cyclical vomiting syndrome (disorder)
C0220983	Metabolic alkalosis
C3887896	Primary Adrenal Insufficiency
C4302896	Hormone sensitive prostate cancer
C0521158	Recurrent tumor

Continua na próxima página ...

Tabela D.3 – Continuação da página anterior

ID	Descrição
C0747845	early pregnancy
C0028259	Nodule
C1262477	Weight decreased
C0162557	Liver Failure, Acute
C0036330	Schistosomiasis mansoni
C0271980	beta ⁰ Thalassemia
C0497550	Benign neurologic neoplasms
C0751202	Cystathionine beta-Synthase Deficiency Disease
C1856963	Fragile nails
C3161174	Hemoglobin H Disease
C3551426	Dystrophic fingernails
C3899403	Decreased Concentration
C4025845	Abnormality iris morphology
C0206686	Adrenocortical carcinoma
C0162309	Adrenoleukodystrophy
C0041341	Tuberous Sclerosis
C0039292	Tangier Disease
C0040115	Thymus Hyperplasia
C1334815	Multi-centric Castleman's Disease
C3715208	AV Block First Degree by ECG Finding
C4288754	Metastatic urothelial carcinoma
C0042384	Vasculitis
C1960398	HER2-positive carcinoma of breast

Continua na próxima página ...

Tabela D.3 – Continuação da página anterior

ID	Descrição
C0233794	Memory impairment
C0042847	Vitamin B 12 Deficiency
C0085624	Burning sensation
C0162566	Porphyria Cutanea Tarda
C0263383	Keratosis pilaris
C0342418	Hypothalamic hamartomas
C0694539	Chronic atrial fibrillation
C1328479	Pancreatic Endocrine Carcinoma
C1442837	Myocardial necrosis
C1839798	Long nose
C1856184	HEMIMYPERPLASIA, ISOLATED
C2751824	46, XY Disorders of Sex Development
C2981140	Glaucoma of childhood
C4725861	Metastatic Malignant Neoplasm in the Viscera
C0541764	Delayed bone age
C0022665	Kidney Neoplasm
C0025322	Premature Menopause
C0175694	Smith-Lemli-Opitz Syndrome
C0221166	Paraparesis
C0334277	Adenocarcinoma, metastatic
C0342541	Precocious pubarche
C1260386	Glucocorticoid-remediable aldosteronism
C3494506	Pseudohypoparathyroidism, Type Ia

Continua na próxima página ...

Tabela D.3 – Continuação da página anterior

ID	Descrição
C388523	Autoimmune uveitis
C4331029	Primary Pigmented Nodular Adrenal Dysplasia
C0018979	Hemianopsia
C0265987	Nevus comedonicus
C0271683	Polyneuropathy, Motor
C0559031	Functional Gastrointestinal Disorders
C1257958	Glucose Metabolism Disorders
C1621895	Adrenal hyperplasia
C1704377	Bright Disease
C1850135	Flared metaphysis
C3146252	Stage II Colorectal Cancer AJCC v7
C3714644	Thymus Neoplasms
C0004936	Mental disorders
C0003129	Anoxemia
C0018922	hemangiopericytoma
C0553730	Calcium pyrophosphate deposition disease
C0574960	Sacroiliitis
C0677948	Stage II Colorectal Cancer
C0878521	Beta thalassemia trait
C1332221	Adult Yolk Sac Tumor
C1846176	Hyperactive deep tendon reflexes
C0027794	Neural Tube Defects
C0027831	Neurofibromatosis 1

Continua na próxima página ...

Tabela D.3 – Continuação da página anterior

ID	Descrição
C0020619	Hypogonadism
C0338437	Neurocysticercosis
C4237343	Overweight or obesity
C0038506	Stuttering
C0040332	Tobacco Dependence
C0205649	Adenoma, Monomorphic
C0239337	Deformity of limb
C0281784	Benign Meningioma
C0472767	Beta thalassemia intermedia
C1843496	Bilateral microphthalmos
C2986561	Spindle Cell Oncocytoma of the Adenohypophysis
C0014038	Encephalitis
C0007682	CNS disorder
C0022660	Kidney Failure, Acute
C0022661	Kidney Failure, Chronic
C0158465	Acquired cubitus valgus
C0205651	Adenoma, Trabecular
C0240225	Liver mass
C0271801	Central hypothyroidism
C0278652	Childhood Craniopharyngioma
C0278875	Adult Craniopharyngioma
C0338503	Sepio-Optic Dysplasia
C1832348	Slow-growing hair

Continua na próxima página ...

Tabela D.3 – Continuação da página anterior

ID	Descrição
C4012968	Mild global developmental delay
C4551596	Abnormal renal morphology
C4551854	HYPOPLASTIC LEFT HEART SYNDROME 1
C4728082	Severe hypoglycaemia
C0238462	Medullary carcinoma of thyroid
C0010606	Adenoid Cystic Carcinoma
C1519670	Tumor Angiogenesis
C0677607	Hashimoto Disease
C0085215	Ovarian Failure, Premature
C0014836	Escherichia coli Infections
C0796004	Kabuki make-up syndrome
C2981142	Refractory anemia, without ringed sideroblasts, without excess bla
C4524257	MSI-low
C0021400	Influenza
C0003469	Anxiety Disorders