

# AGRUPAMENTO DE SÉRIES DE EXPRESSÃO GÊNICA POR MEIO DE ESTIMATIVAS PROVENIENTES DE ANÁLISE BAYESIANA DO MODELO AUTORREGRESSIVO PARA DADOS EM PAINEL

Moysés Nascimento<sup>1</sup>

## RESUMO DE MINI-CONFERÊNCIAS - JOVENS DOUTORES

No campo da Estatística Genética, um tema que tem atraído interesse de pesquisadores é a análise de dados de expressão gênica identificada ao longo do tempo, os quais são denominados Microarray Time Series (MTS). O estudo destes dados tem possibilitado o entendimento de diversos processos biológicos, porém, devido à grande quantidade de genes envolvidos e o pequeno número de medidas ao longo do tempo, dado o alto custo dos processos laboratoriais, a análise de MTS se tornou um grande desafio. Assim, encontrar grupos de genes que se expressem de forma similar ao longo do tempo é o primeiro passo para o entendimento de redes biológicas complexas envolvendo tais genes. Para tanto, métodos de análise de agrupamento são utilizados, dentre os quais se destaca os métodos hierárquicos. Entretanto, os mesmos não são desenvolvidos para utilização em dados de séries temporais, pois ignoram a natureza sequencial das observações. Para contornar esse problema, foram desenvolvidos métodos de agrupamento baseados em modelos, que apesar de úteis, não funcionam bem para experimentos relativamente pequenos, isto é, experimentos que possuem menos de 10 observações temporais. No campo de séries temporais, mais especificamente em econometria, a análise bayesiana do modelo autorregressivo para dados em painel é recomendada para situações com grande número de séries pequenas. Diante do exposto, propusemos para o agrupamento de séries de expressão gênica, um método bayesiano que considera simultaneamente o ajuste do modelo autorregressivo para dados em painel e agrupamento hierárquico a partir das estimativas desse modelo.

---

<sup>1</sup>Departamento de Estatística Universidade Federal de Viçosa