

AVALIAÇÃO DO MÉTODO BAYESIANO DE AGRUPAMENTO DE PERFIS DE EXPRESSÃO GÊNICA BASEADO NA DINÂMICA TEMPORAL

Roberta de Amorim Ferreira^{1,3}, Patrícia Mendes dos Santos^{1,3}, Moysés Nascimento^{2,3}, Ana Carolina Campana Nascimento^{2,3}, Fabyano Fonseca e Silva^{2,3}

RESUMO

A análise de dados de expressão gênica identificada ao longo do tempo - “microarray time series” (MTS) - tem possibilitado o entendimento de diversos processos biológicos, uma vez que o conhecimento de grupos de genes que se expressam de forma similar possibilita inferir a respeito de funções e mecanismos reguladores desses genes. Dentre as diversas metodologias, devido ao seu apelo biológico, destaca-se o método proposto por Ramoni et al. (2002). Uma característica intrínseca a estudos de MTS é o pequeno número de observações temporais. Assim, a utilização de métodos robustos ao pequeno número de observações temporais torna-se de extremo interesse. Deste modo, este trabalho teve por objetivo avaliar a robustez do método baseado na dinâmica do padrão da expressão quanto ao número de observações temporais. Para tanto, foram utilizados dados referentes à resposta de fibroblastos humanos ao soro. Estes correspondem a 517 genes cujo nível de expressão foi alterado em resposta à estimulação do soro. Esses experimentos foram repetidos sequencialmente ao longo de 12 diferentes instantes de tempo (0, 15, 30, 60, 120, 240, 360, 480, 720, 960, 1200 e 1440 min.). O método avaliado é robusto, visto que o mesmo apresentou o mesmo número de grupos e altos valores de percentual de concordância a perdas de até 3 observações temporais.

Palavras-chave: *Fibroblastos, expressão gênica, número de observações temporais.*

¹DMA - Universidade Federal de Viçosa, roberta.amorim@ufv.br, patymendesdossantos@hotmail.com

²DET - Universidade Federal de Viçosa, moysesnascim@ufv.br, ana.@ufv.br, fabyanofonseca@ufv.br

³Agradecimento à FAPEMIG pelo apoio financeiro.