

UMA ABORDAGEM BAYESIANA PARA IDENTIFICAR GENES DIFERENCIALMENTE EXPRESSOS

Erlandson Ferreira SARAIVA¹
Teresa Cristina Martins DIAS²
Luis Aparecido MILAN²

- **RESUMO:** A tecnologia dos microarranjos de DNA é uma ferramenta importante para a pesquisa genômica, devido a sua capacidade de medir simultaneamente os níveis de expressão de uma grande quantidade de genes ou fragmentos de genes. Um dos objetivos da análise de dados de expressão gênica é a identificação de genes com níveis de expressão diferentes em condições experimentais de tratamento e controle. Neste texto, propomos uma abordagem bayesiana para identificar genes diferencialmente expressos com base na distribuição de probabilidade a posteriori, utilizando o fator de Bayes. A abordagem proposta é comparada a metodologia utilizada usualmente, que é o teste t, através de um estudo de simulação. Os resultados de simulação mostram um melhor desempenho da abordagem proposta na identificação de diferença de médias e/ou variâncias, especialmente para casos de pequenas amostras, usual em análise de dados de expressão gênica. A aplicação a um conjunto de dados reais mostra uma complementaridade entre os métodos na identificação de genes diferencialmente expressos.
- **KEYWORDS:** Expressão gênica, Abordagem Bayesiana, Fator de Bayes.

¹ Universidade Federal da Grande Dourados - UFGD, Departamento de Matemática, CEP: 79825-070, Dourados, MS, Brasil. E-mail: erlandonsaraiva@ufgd.edu.br

² Universidade Federal de São Carlos -UFSCar, Departamento de Estatística, São Carlos, SP, Brasil. E-mail: dmd@ufscar.br / dlam@ufscar.br