

MÉTODOS ESTATÍSTICOS PARA A AVALIAÇÃO DA REDUNDÂNCIA EM ESTUDOS DE ETIQUETAS DE SEQUÊNCIA EXPRESSA

Fernanda Vital de PAULA¹
Fabyano Fonseca e SILVA²
Carlos Souza do NASCIMENTO³
Simone Eliza Facioni GUIMARÃES³
Sebastião MARTINS FILHO²
Moysés NASCIMENTO²
Alencariano FALCÃO¹

- RESUMO: Pesquisas de Etiquetas de Sequência Expressa (ESTs) são importantes para identificação de genes em estudos de seqüenciamento de organismos, porém na presença de elevada redundância de transcritos tal técnica torna-se inviável, pois produz poucas seqüências que ainda não foram previamente amostradas. Dentre as medidas de redundância destaca-se o número de genes, $\Delta(t)$, que podem ser descobertos em uma amostra futura de EST t vezes maior que a amostra original. Tal estatística é útil para direcionar protocolos de seqüenciamento de uma biblioteca de cDNA, uma vez que indica quando este deve ser encerrado, evitando seqüenciar material já seqüenciado e os custos inerentes a tal fato. O presente trabalho teve como objetivo apresentar os aspectos teóricos da estatística $\Delta(t)$, e propor abordagens clássica e bayesiana para a estimação da mesma. Foram utilizados dados de ESTs obtidos de duas bibliotecas de cDNA referentes ao organismo *Mastigamoeba Balamuthi*, e os resultados mostraram que as estimativas por intervalo obtidas para $\Delta(t)$, foram consideravelmente mais precisas quando se utilizou a abordagem bayesiana.
- PALAVRAS-CHAVE: EST; bibliotecas de cDNA, inferência bayesiana.

¹ Universidade Federal do Tocantins – UFT, Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia, BR 153, Km 112, CEP 77800-000, Araguaína, TO. E-mail: fernandavmat@yahoo.com.br / ajs.falcao@gmail.com

² Universidade Federal de Viçosa - UFV, Departamento de Estatística, CEP 36571-000 Viçosa, MG. E-mail: fabyanofonseca@ufv.br / martinsfilho@ufv.br / moysesnascim@ufv.br

³ Universidade Federal de Viçosa - UFV, Departamento de Zootecnia, CEP 36571-000 Viçosa, MG. E-mail: carsouzarj@hotmail.com / sfacioniguima@gmail.com