

ANÁLISE DE DADOS SAGE DE AMOSTRAS ORIGINADAS DE TECIDOS DE PACIENTES IDOSOS: UMA PERGUNTA, UMA ESTRATÉGIA, VÁRIOS RESPOSTAS ESTATÍSTICAS, QUAL A MELHOR ALTERNATIVA?

Benito Linconl Agudo Oliveira
linconlbenito@yahoo.com.br

COAUTORES
Silva, I.C.R.

INSTITUCIONES
Faculdade LS, Taguatinga – DF
Serviço Nacional de Aprendizagem Comercial do DF (SENAC),
Brasília-DF

CONCLUSIONES: Ferramentas de biologia molecular têm sido utilizadas enquanto promissoras metodologias que potencializam uma melhor compreensão dos diversos fenômenos biológicos atualmente analisados, destacando-se o envelhecimento, que devido assuas contribuições diretas, como por suas implicações indiretas, é aquele que desperta maior interesse por suas repercussõe spráticas na atualidade. Entre as várias abordagens efetivamente implementadas, aquelas que estudam expressão gênica se representam enquanto um campo promissor. A análise em Série da Expressão Génica (SAGE) determina o nível da expressão de um gene por meio da frequência relativa de uma TAG derivada de um transcrito de RNA correspondente, e com isto, pode ser utilizada para avaliar diferenças de expressão gênica de um tecido jovem em relação a um envelhecido. Entretanto, na introdução desta técnica, vários modelos estatísticos foram publicados para descobrir mudanças significativas na expressão gênica. O presente estudo, propõe a implementação comparativa entre métodos freqüencistas e bayesianos para análise de dados SAGE de pacientes idosos depositados no banco de dados público do CGAP (The CANCER GENOME ANATOMY PROJECT), apontando ainda, que um modelo de mistura bayesiano podem ser uma excelente alternativa para a compreensão dos referidos dados.