



II Simpósio sobre Inovação e Criatividade Científica na Embrapa

Brasília, 28 a 30 de abril 2010

Identificando redes gênicas a partir de dados de expressão de microarranjos

Autor(es): Poliana F. Giachetto, Edgard H. dos Santos, Michel E. B. Yamagishi

Unidade(s): Embrapa Informática Agropecuária

A inferência de redes gênicas a partir de dados de expressão em larga escala gerados pela técnica de microarranjos é uma abordagem recente que busca explicitar a relação entre os genes. Dentre as metodologias disponíveis, a construção de redes de co-expressão gênica, que explora as alterações transcricionais em termos de interações entre os genes que apresentam padrões similares sob condições fisiológicas ou temporais diversas, tem possibilitado a detecção de módulos funcionais de genes co-regulados. Ainda, a metodologia permite que sejam conhecidos, dentro dos módulos, os genes principais, ou reguladores. Somada à análise dos genes diferencialmente expressos, que identifica genes pontuais, potencialmente envolvidos no fenômeno em estudo, a construção de redes de co-expressão gênica pode levar à identificação de processos metabólicos, o que pode trazer um maior esclarecimento a respeito do fenômeno em questão. Recentemente, iniciamos a implementação de uma metodologia de construção de redes de co-expressão baseada no algoritmo WGCNA (Zangh & Horvath, 2005), utilizando os dados de microarranjos gerados pela Rede Genômica Animal e os resultados têm sido promissores. Nossa proposta é implantar essa metodologia no pipeline de análise de dados de microarranjos gerados pela Embrapa, com o objetivo de explorar amplamente os dados disponibilizados por essa tecnologia, contribuindo para a prospecção de genes economicamente importantes dentro dos programas de melhoramento genético da empresa.