

**A. Ciências Exatas e da Terra - 5. Matemática - 5. Probabilidade e Estatística**

**Ajuste do modelo misto com efeito de ambiente comum para dados de microarrays em humanos**

Natália Faraj Murad<sup>1</sup>

Rosiana Rodrigues Alves<sup>2</sup>

Júlio Sílvio de Sousa Bueno Filho<sup>3</sup>

1. Graduanda em Ciências Biológicas - DBI - UFLA

2. Mestranda em Estatística e Experimentação Agropecuária-DEX-UFLA-Co-orientadora

3. Professor Adjunto - DEX/UFLA - Orientador

**RESUMO:**

Experimentos com microarrays têm sido amplamente utilizados em estudos de genômica funcional. Sua principal vantagem é permitir o monitoramento simultâneo da expressão gênica de milhares de sondas e assim, a quantidade de dados gerada nesse tipo de experimento é muito grande, com muito mais variáveis resposta ( $p$ ) do que indivíduos observados ( $n$ ). Como consequência, a análise multivariada, com modelos complexos é em geral inviável. Mesmo após simplificações a análise demanda muito esforço computacional e isso faz com que seja importante a seleção de sondas para o estudo futuro das correlações genéticas. Num trabalho anterior foram selecionadas 100 sondas com base em um modelo de efeitos fixos que inclui sexo e família. Um modelo misto para efeitos genéticos em humanos possibilita uma melhor descrição dos dados podendo incluir relações de parentesco compartilhadas pelos indivíduos e quando esses indivíduos compartilham um ambiente comum, ocorre à existência de efeitos que contribuem para semelhanças entre esses indivíduos. Foi ajustado o modelo misto aditivo-dominante e um modelo com efeitos de ambiente aleatórios para dados de microarrays do GAW15. Esses dados foram obtidos a partir de células de linfoblastos de 194 indivíduos pertencentes a 14 famílias utilizando-se Affymetrix Human Focus Array. A avaliação do ajuste do modelo foi feita através do Critério de Informação de Akaike. Das 100 sondas testadas, o modelo aditivo-dominante mostrou o melhor ajuste para o maior número de sondas e as pressuposições de normalidade foram aceitas por todas elas.

Instituição de Fomento: CNPq

Palavras-chave: expressão gênica, microarrays, modelos mistos.