

Análisis y Detección de Correlaciones en Relevamientos Transcripcionales de Gran Escala

Andrés Rabinovich
Director: Ariel Chernomoretz

Departamento de Física
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales
Universidad de Buenos Aires

Marzo 2016.



Contenido

- 1 **Introducción**
 - Detección de correlaciones
 - Relevamientos transcripcionales de gran escala
- 2 **Análisis de relevamientos transcripcionales**
 - Métodos km, ds1, ds4
 - Caracterización de particiones
 - El problema de la escala
- 3 **Congruencia biológica**
 - Ontología génica (GO)
 - Densidades de interacción
 - Índice de homogeneidad biológica
- 4 **Coherencia entre métricas**
 - KTA global
 - Modulación de heterogeneidades transcripcionales
- 5 **Conclusiones y perspectivas**

Detección de correlaciones

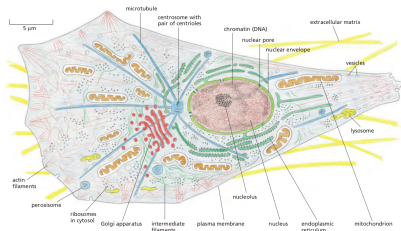
Agrupamiento de datos

- Método de clasificación no supervisado.
- Consiste en agrupar elementos “similares entre sí”.
- Permite el descubrimiento de patrones en los datos.
- Posibilita obtener conclusiones sobre los datos.

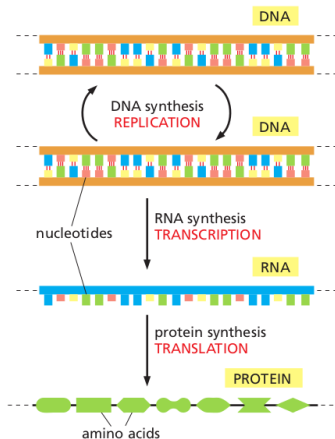
Medidas de similaridad

Tipos de agrupamiento

Transcripción y traducción



(a) Célula eucariota



(b) Dogma central de la biología molecular

Cambios transcripcionales en respuesta a estrés abiótico en *A.thaliana*

Métodos km, ds1, ds4

Caracterización de particiones

El problema de la escala

Ontología génica (GO)

Densidades de interacción

Índice de homogeneidad biológica

Coherencia entre métrica transcripcional y espacio GO

KTA global

KTA local para modulación de heterogeneidades transcripcionales

Métrica mixta

Método heurístico

Interpretación biológica

Conclusiones y perspectivas