



## Estrategias estadístico-computacionales avanzadas para análisis de expresión de proteínas/genes en cáncer. Advanced statistical and computational strategies for protein/gene expression analysis in cancer.

Fernández, Elmer Andrés , Balzarini, Mónica , Amiune, Hernán Miguel, Bruno, Cecilia, Rosales Heredia, María Soleana de las Mercedes, Llera, Andrea Sabina, Girotti, María Romina and Podhajcer, Osvaldo (2008) *Estrategias estadístico-computacionales avanzadas para análisis de expresión de proteínas/genes en cáncer. Advanced statistical and computational strategies for protein/gene expression analysis in cancer.* [Proyecto de investigación]

El texto completo no está disponible en este repositorio.

### RESUMEN

El objetivo de este proyecto, enmarcado en el área de metodología de análisis en bioingeniería-biotecnología aplicadas al estudio del cancer, es el análisis y caracterización a través modelos estadísticos con efectos mixtos y técnicas de aprendizaje automático, de perfiles de expresión de proteínas y genes de las vías metabólicas asociadas a progresión tumoral. Dicho estudio se llevará a cabo mediante la utilización de tecnologías de alto rendimiento. Las mismas permiten evaluar miles de genes/proteínas en forma simultánea, generando así una gran cantidad de datos de expresión. Se hipotetiza que para un análisis e interpretación de la información subyacente, caracterizada por su abundancia y complejidad, podría realizarse mediante técnicas estadístico-computacionales eficientes en el contexto de modelos mixtos y técnicas de aprendizaje automático. Para que el análisis sea efectivo es necesario contemplar los efectos ocasionados por los diferentes factores experimentales ajenos al fenómeno biológico bajo estudio. Estos efectos pueden enmascarar la información subyacente y así perder información relevante en el contexto de progresión tumoral. La identificación de estos efectos permitirá obtener, eficientemente, los perfiles de expresión molecular que podrían permitir el desarrollo de métodos de diagnóstico basados en ellos. Con este trabajo se espera poner a disposición de investigadores de nuestro medio, herramientas y procedimientos de análisis que maximicen la eficiencia en el uso de los recursos asignados a la masiva captura de datos genómicos/proteómicos que permitan extraer información biológica relevante pertinente al análisis,

clasificación o predicción de cáncer, el diseño de tratamientos y terapias específicos y el mejoramiento de los métodos de detección como así también aportar al entendimiento de la progresión tumoral mediante análisis computacional intensivo.

**TIPO DE DOCUMENTO:** Proyecto

**INFORMACIÓN ADICIONAL:** Contacto: [elmer.fernandez@ucc.edu.ar](mailto:elmer.fernandez@ucc.edu.ar). Proyecto radicado en: Facultad de Ingeniería. Universidad Católica de Córdoba.

**PALABRAS CLAVE:** Bioinformática. Biología computacional. Cáncer. Diagnóstico automático. Análisis de patrones de expresión. GÉNICA/PROTEÓMICA>

**TEMAS:** [Q Ciencia > Q Ciencia \(General\)](#)  
[Q Ciencia > QA Matemáticas > QA76 Software de computadoras](#)  
[Q Ciencia > QH Historia Natural > QH301 Biología](#)

**UNIDAD ACADÉMICA:** [Universidad Católica de Córdoba > Facultad de Ingeniería](#)