UNIVERSIDADE FEDERAL DE PERNAMBUCO

GRADUAÇÃO EM ENGENHARIA DA COMPUTAÇÃO
CENTRO DE INFORMÁTICA

2008.1

PROCESSAMENTO E ANÁLISE DE IMAGENS DE MICROARRANJOS DE DNA

PROPOSTA DE TRABALHO DE GRADUAÇÃO

Aluno: Rodrigo Silva Campos (rsc3@cin.ufpe.br)

Orientador: Tsang Ing Ren (tir@cin.ufpe.br)

Recife, 18 de março de 2008

1. Contexto

O rápido crescimento do volume de dados gerados pelo seqüenciamento de genomas assim como a quantidade de dados sobre expressão gênica vem tornando cada vez mais complexo o entendimento das funções dos genes nos organismos. Dessa forma, há sempre a demanda de métodos que possibilitem o processamento e análise dos dados não somente de maneira mais eficiente, mas que também mantenham um alto grau de confiabilidade. A técnica que utiliza microarranjos de DNA surge nesse cenário, possibilitando, por exemplo, a descoberta de novos tipos de doenças além de predizer ou diagnosticar aquelas cuja expressão genética é conhecida. Pode-se ainda auxiliar na busca pelo tratamento de uma patologia, a partir da verificação ou previsão dos efeitos de uma terapia.

Microarranjos de DNA (tradução natural e aceita para o termo em inglês ***microarray*** pelo qual esta técnica é mais conhecida), ou chips de DNA, consistem num conjunto ordenado de milhares de moléculas de DNA organizadas em grupos de acordo com milhões de seqüências conhecidas que se unem para formar genes distintos. Cada grupo é fixado quimicamente a uma superfície sólida numa posição previamente definida com a utilização de robôs altamente precisos que depositam amostras de DNA em pontos microscópicos (spots). Dessa forma é criada uma matriz de genes que pode ter sua imagem capturada e digitalizada. Isso permite avaliar a expressão de milhares de genes simultaneamente através de métodos de processamento computacional de imagens.

De maneira resumida, a imagem da matriz apresenta milhares de “manchas” que indicam a expressão ou não-expressão do gene correspondente à posição (reação química do c-DNA com m-RNA chamada de hibridação). Para que cada gene seja analisado sem a interferência dos demais, a imagem passa por um processo de segmentação que cria minúsculas divisões visando, idealmente, conter uma única expressão gênica. Os níveis de intensidade luminosa verificados em cada bloco de pixels delimitados por um segmento levam a conclusões à respeito da atividade do gene.

O processamento de imagens de microarranjos de DNA tem de lidar com vários problemas que envolvem desde a necessidade de otimizar a área dos blocos segmentados levando em conta as variadas formas e tamanhos das marcas de expressão gênica, à eliminação das expressões defeituosas (contaminação por outras reações

químicas e ruídos). A acurácia do processo depende ainda da forma como serão definidos os grupos de pixels que serão levados em conta no momento de se calcular os níveis de luminosidade que definem a atividade de cada gene.

2. Objetivo

Este trabalho de graduação propõe a pesquisa das principais técnicas utilizadas no processamento e análise de imagens de microarranjos de DNA com o intuito principal de obter o arcabouço necessário à comparação de resultados e sugestão de melhorias. Pretende-se buscar a melhor técnica para segmentação de imagens dos microarranjos assim como abordar a quantificação da expressão gênica, empregado técnicas de clusterização (agrupamento) de pixels.

3. Cronograma

Abaixo são listadas as principais atividades a serem realizadas no decorrer das semanas que definem o tempo destinado à este trabalho de graduação.

	Mês															
Atividades	Março				Abril				Maio				Junho			
Pesquisa bibliográfica			■	■												
Definição do escopo				■	■											
Estudo específico					■	■	■	■								
Implementação							■	■	■	■	■	■	■			
Elaboração de relatório							■	■				■	■	■	■	
Elaboração de apresentação															■	

Referências Bibliográficas

[1] Salla Ruosaari and Jaakko Hollmén. *Image analysis for detecting faulty spots from microarray images*. **In Steffen Lange, Ken Satoh, and Carl H. Smith, editors, Proceedings of the 5th International Conference on Discovery Science (DS 2002), Lecture Notes in Computer Science**, Vol. 2534, 259–266. Springer-Verlag, 2002.

[2] Luis Rueda and Vidya Vidyadharan. *A Hill-Climbing Approach for Automatic Gridding of cDNA Microarray Images*. **IEEE Transactions on Computational Biology and Bioinformatcs**, Vol. 3, No. 1, 2006.

[3] Ho, J. Hwang, W.-L. Lu, H. H.-S. Lee, D. T. *Gridding Spot Centers of Smoothly Distorted Microarray Images*. **IEEE Transactions on Image Processing**, Vol. 15, No. 2, 342, 2006.

[4] Ajay N. Jain, Taku A. Tokuyasu, Antoine M. Snijders, Richard Segraves, Donna G. Albertson, and Daniel Pinkel. *Fully Automatic Quantification of Microarray Image Data*. **Genome Research**, Vol. 12, Ed. 2, 325-332, 2002

Data e Assinaturas

18 de Março de 2008

Tsang Ing Ren

Orientador

Rodrigo Silva Campos

Aluno