



| | |
|-------------------|--|
| Evento | Salão UFRGS 2020: FEIRA DE INOVAÇÃO TECNOLÓGICA DA UFRGS - FINOVA |
| Ano | 2020 |
| Local | Virtual |
| Título | Integração de Neuroimagem com Transcriptômica |
| Autores | THALES ALCANTARA ROCHA GUILHERME POVALA EDUARDO RIGON ZIMMER |
| Orientador | DIOGO ONOFRE GOMES DE SOUZA |

RESUMO

TÍTULO DO PROJETO: Integração de Neuroimagem com Transcriptômica

Aluno: Thales Alcantara Rocha

Orientador: Diogo Onofre Gomes de Souza

RESUMO DAS ATIVIDADES DESENVOLVIDAS PELO BOLSISTA

Objetivo: Desenvolver um método para combinar dados de transcriptômica do sangue com dados de imagens PET, a fim de encontrar novos biomarcadores que ajudem no diagnóstico precoce de Doença de Alzheimer.

Métodos: Os dados de transcriptômica e de imagens PET foram obtidos do Alzheimer's Disease Neuroimaging Initiative (ADNI). Separamos amostras de expressão gênica no sangue de 69 pessoas diagnosticadas como cognitivamente saudável (CU) e 158 como comprometimento cognitivo leve (MCI) e então submetidas à análise de expressão diferencial (DE) usando o pacote limma da linguagem R. Então, os genes obtidos desta expressão diferencial foram selecionados para integração com imagens de FDG-PET usando modelos de regressão linear (GLR) à nível de voxel (pacote RMINC).

Resultados: A análise de expressão diferencial resultou em 1232 genes diferencialmente expressos em indivíduos CU vs MCI (com p-value menor de 0.05). Então para cada gene, foi computado uma GLR à nível de voxel associando o FDG-PET com uma expressão gênica, resultando num mapa de t-values. Após, foram descartados os t-values absolutos menores que 2,3 além de serem mantidos apenas os valores correspondentes a massa cinzenta do cérebro. Então, foram filtrados os volumes de interesse (VOI) apresentando no mínimo 30% de voxels com uma correlação significativa do mapa de t-values, na qual resultou em 268 genes significativamente correlacionados no cérebro. A partir disso, foi mapeado no cérebro para cada volume de interesse (VOI), a contagem de DEGs (genes diferencialmente expressos) respectivos, além de mapas de proporção de suprarregulado DEGs e infraregulado DEGs. Por fim, um mapa geral de VOIs alterados foi gerado com a fusão dos supra e infraregulado DEGs. Identificamos que o Putâmen foi a VOI com a maioria de DEG significativamente correlacionados.