

Diabetes tipo 2 (DT2) é a forma mais comum de diabetes. Milhões de pessoas são diagnosticadas com este tipo de diabetes anualmente, e esta taxa está em ascensão. Neste projeto, foi desenvolvido um modelo de meta-análise utilizando dados de transcriptomas de quatro estudos em indivíduos da subfamília Muridae, previamente selecionados, para inferir potenciais módulos (cliques) consensuais em redes de co-expressão gênica relacionados ao DT2. Uma elucidação dos genes regulatórios desta doença e suas ligações irão prover um melhor entendimento da topologia desta rede gênica e suas funções na progressão e tratamento desta doença. Neste trabalho foram utilizados fundamentos como mineração de grafos, e métricas para identificação de agrupamentos e associações para detectar os módulos gênicos mais significativos ao DT2. Para cada módulo detectado foi feita uma análise de enriquecimento funcional direcionando anotações relevantes para caracterização do módulo de forma local (intra-estudo) e global (inter-estudo). Espera-se que os cliques consensuais possam delimitar potenciais marcadores gênicos para futuras observações em estudos clínicos. Os estudos de transcriptoma foram obtidos via os bancos de dados de expressão gênica *Gene Expression Omnibus* (GEO) e *Array Express*, e para modelagem computacional foi utilizada a linguagem R.