

# Modelos jerárquico Bayesianos para modelizar datos genéticos.

*Ignacio Alvarez-Castro*  
*IESTA - UdelaR*

Los modelos jerárquicos son especialmente útiles en problemas de inferencia a grandes escalas que pueden ser descompuestos en problemas individuales mas sencillos. Esto ocurre en datos donde hay una estructura natural de grupos. La expresión genética medida como la abundancia de RNA presenta estas características, a partir de una muestra biológica se obtiene un conteo para cada alelo en cada gen. Aquí presentamos modelos estadísticos para detectar genes con uso diferencial de los alelos.

Un enfoque Bayesiano de estos problemas permite aprender de los datos cuanta información es compartida por los grupos. Proponemos usar un modelo jerárquico de regresión de conteo para modelar la expresión genética específica de alelo en una variedad de plantas de maíz. El modelo incluye efectos de sobre dispersión en cada gen, corrige el sesgo del alelo de referencia y toma en cuenta los efectos esparsos mediante distribuciones de shrinkage en los parámetros específicos de cada gen.