

MI813 A - Tópicos em Estatística Genética
Profa.: Hildete Pinheiro

Programa

1. Introdução à alguns conceitos biológicos
2. Exemplos de dados Genéticos
3. Estimação de proporções genotípicas e/ou alélicas
 - (a) Modelo Multinomial para frequências genotípicas
 - (b) Máxima verossimilhança
 - (c) Método dos Momentos
4. Desequilíbrio
 - (a) Desequilíbrio de Hardy-Weinberg
 - (b) Desequilíbrio de Ligação
 - (c) Testes de Hipóteses
5. Diversidade
 - (a) Heterozigozidade
 - (b) Diversidade Genética
6. Análise de dados de família
 - (a) Correlação familiar
 - (b) Análise de Segregação
 - (c) Análise de Ligação
7. Construções de Árvores Filogenéticas
 - (a) Modelos de substituição
 - (b) Método de matrizes de Distância
 - (c) Parcimônia
 - (d) Máxima Verossimilhança
8. Análise de Dados moleculares

- (a) Análise de Variância para dados binários
- (b) CATANOVA
- (c) AMOVA
- (d) Análise de Variância de Sequências genômicas via distância de Hamming

Referências Bibliográficas

1. de Andrade, M. e Pinheiro, H.P. *Métodos Estatísticos Aplicados em Genética Humana*. Livro texto para o minicurso de Estatística Genética ministrado no XV SINAPE (Simpósio Nacional de Probabilidade e Estatística) em julho de 2002. ABE - Associação Brasileira de Estatística (2002).
2. Berg, Paul and Singer, Maxine (1992). *Dealing with Genes - The Language of Heredity*. University Science Books.
3. Bonney, G. E. (1984) *On the Statistical Determination of Major Gene Mechanisms in Continuous Human Traits: Regressive Models*. "American Journal of Medical Genetics" **18**: 731-749.
4. Bonney, G. E. (1986) *Regressive Logistic Models for Familial Disease and other Binay Traits*. "Biometrics" **42**: 611-625.
5. Excoffier, L., Smouse, P.E. and Quattro, J.M. (1992). *Analysis of Molecular Variance inferred from Metric Distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data*. "Genetics" **131**: 479-491.
6. Graur, Dan and Li, Wen-Hsiung (1999). *Fundamentals of Molecular Evolution*. Sinauer Associates, Inc.
7. Pinheiro, H.P., Seillier-Moiseiwitsch, F., Sen, P.K. and Eron, J.J. (2000). *Genomic Sequences and Quasi-multivariate CATANOVA*. In "Handbook of Statistics, Bioenvironmental and Public Health Statistics", C.R. Rao and P.K. Sen (eds). Vol.18. Elsevier, Amsterdam. pp. 713-746.
8. Pinheiro, H.P. and Seillier-Moiseiwitsch, F. (2000). *Quantifying Heterogeneity in the HIV Genome*. In "Computational and Evolutionary Analysis of HIV Molecular Sequences", Rodrigo, A.G. and Learn Jr., G.H. (eds). Kluwer Academic Publishers. pp. 91-119.
9. Pinheiro, H.P. and Seillier-Moiseiwitsch, F. and Sen, P.K. Analysis of Variance for Hamming Distances Applied to Unbalanced Designs. Instituto de Matemática, Estatística e Ciência da Computação, *Relatório de Pesquisa nº 30/01*, UNICAMP (2001).
10. Pinheiro, H.P., Pinheiro, A.S. and Sen, P.K. Comparison of genomic sequences via Hamming Distance. Instituto de Matemática, Estatística e Ciência da Computação, *Relatório de Pesquisa nº 72/02*, UNICAMP (2002). (Aceito no *Journal of Statistical Planning and Inference* para 2003).
11. Pinheiro, H.P., Pinheiro, A.S., Abe, A.S. and Reis, S.F. Phylogenetic Relationships and DNA sequence Evolution among species of pitvipers. Instituto de Matemática, Estatística e Ciência da Computação, *Relatório de Pesquisa nº 12/02*, UNICAMP (2002).

12. Pinheiro, A.S., Sen, P.K. and Pinheiro, H.P., Parametric Modelling of Genome Sequences Distance. Instituto de Matemática, Estatística e Ciência da Computação, *Relatório de Pesquisa nº 73/02*, UNICAMP (2002).
13. Souza, R., Pinheiro, H.P., Reis, S.F. and da Silva, C.Q., Analysis of Variance for Binary Data in unbalanced designs. Instituto de Matemática, Estatística e Ciência da Computação, *Relatório de Pesquisa nº 17/03*, UNICAMP (2003)
14. Weir, Bruce S. (1996). *Genetic Data Analysis II*. Sinauer.