

EMMCOMP – 2011

Encontro Mineiro de Modelagem Computacional

part V
1742 = 12.000 COMP.000
1743 = 12.000 COMP.000
1744 = 12.000 COMP.000
1745 = 12.000 COMP.000
1746 = 12.000 COMP.000

- [Início](#)
- [Datas Importantes](#)
- [Envio de trabalhos](#)
- [Inscrições Gratuitas](#)
- [Programação](#)
- [Sobre](#)
- [Trabalhos confirmados](#)

Modelagem difusa para tomada de decisão na investigação de SNPs

Poster

Autor: Fabrízio Condé de Oliveira, Wagner Arbex, Carlos Cristiano Hasenclaver Borges, UFJF

Diferenças pontuais entre pares de bases de diferentes sequências alinhadas são o tipo mais comum de variabilidade genética e, sendo conhecidas como polimorfismos de base única (single nucleotide polymorphisms – SNPs), são importantes no estudo da variabilidade das espécies, pois podem provocar alterações funcionais ou fenotípicas, que, por sua vez, podem implicar em consequências evolutivas ou bioquímicas nos indivíduos das espécies. A identificação de SNPs é feita por diversos modelos matemáticos e computacionais e esse trabalho apresenta um modelo que utiliza a lógica difusa como base para o desenvolvimento de um sistema de inferência, auxiliar à tomada de decisão, que baseia-se em resultados prévios, obtidos por diferentes ferramentas de descoberta de SNPs e que apresentam resultados possivelmente conflitantes. Assim, o modelo é aplicado para auxiliar na tomada de decisão, no caso em que as informações sejam divergentes e, também, na confirmação de informações coincidentes. O modelo em questão utiliza-se de resultados gerados por dois diferentes software – Polyphred (PP) e PolyBayes (PB) – e, ainda, inclui, explicitamente, a qualidade das bases do consenso, o phred quality score (PQS), como um “valorizador” adicional, isto é, um novo atributo auxiliar à decisão. A modelagem difusa parte dos índices determinados pelo PP, polyphred score (PPS), e pelo seu equivalente no PB, que estabelece seis classes com intervalos críps, variando de 1, que indica um PPS = 99 e uma taxa de verdadeiros positivos de 97%, sendo altamente provável a existência de SNPs, e, então, sua modelagem é feita pela variável linguística probabilidade definida nos termos: improvável (PIM), pouco provável (PPP), medianamente provável (PmP), provável (PPR), muito provável (PMP) e altamente provável (PAP). O outro atributo do modelo é o PQS, que varia entre 4 e 60, separados, pelo limiar PQS = 20, em duas classes de valores críps e, então, a variável linguística qualidade foi definida nos termos: ruim (QR), boa (QB) e ótima (QO). A partir dos conjuntos difusos definidos na modelagem, são “disparadas” regras de inferência, cujo resultado é discretizado pelo método do “centro dos máximos” ou “defuzzificação pelas alturas”, uma vez que múltiplos disparos são considerados, permitindo a “valorização” de um ou mais conjuntos de saída mapeados.

Share this: [Twitter](#) [Facebook](#)

Tópicos recentes

> Encontro Mineiro de Modelagem Computacional – 9 e 10 de Dezembro de 2011

1742 = 12.000 COMP.000
1743 = 12.000 COMP.000
1744 = 12.000 COMP.000
1745 = 12.000 COMP.000

1746 = 12.000 COMP.000
1747 = 12.000 COMP.000
1748 = 12.000 COMP.000
1749 = 12.000 COMP.000

1750 = 12.000 COMP.000
1751 = 12.000 COMP.000
1752 = 12.000 COMP.000
1753 = 12.000 COMP.000

SP 5284
P. 167