

EMMCOMP – 2011

Encontro Mineiro de Modelagem Computacional

patv

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

Técnicas de inteligência computacional aplicada à investigação de SNPs em sequências de cDNA

Poster

Autor: Bruno Zonovelli da Silva, Igor Magalhães Ribeiro, Wagner Arbex, Carlos Cristiano Hasencler Borges, UFJF

"Polimorfismos de base única (single nucleotide polymorphisms – SNPs) são pares de bases em uma única posição no DNA genômico, que se apresentam com diferentes alternativas nas sequências e podem ser encontrados no genoma de indivíduos isoladamente ou em grupos de indivíduos, em alguma população e são originadas a partir de inserções, remoções ou substituições das bases. A individualidade é consequência da expressão do código genético, ou seja, as sequências de nucleotídeos formam as moléculas e sequências de DNA, RNA e proteínas, que interagem e formam as células, as quais também, interagem e formam tecidos, órgãos e, finalmente, os indivíduos. Essa é a importância dos SNPs, pois, em síntese, a alteração de um único nucleotídeo, em uma sequência em particular, pode alterar a formação de proteínas e o conjunto dessas alterações pode provocar variações nas características dos indivíduos. O estudo de SNPs envolve: (a) identificar o polimorfismo em uma sequência, (b) verificar se o polimorfismo não é um erro de leitura na sequência, (c) verificar se o polimorfismo altera a formação das proteínas e (d) verificar se a "nova" proteína formada, quando combinada com outras, manifesta ou inibe alguma característica. A descoberta de SNPs por algoritmos computacionais é uma prática bastante difundida e, nessa área, destacam-se, pelo amplo uso, os programas Polyphred e Polybayes. Entretanto, esses programas, podem gerar muitos resultados incorretos, isto é, falso-positivos, mesmo com parâmetros rigorosos. Este trabalho apresenta técnicas de inteligência computacional, tal como, o uso de inferência difusa, como alternativa ou complemento das técnicas tradicionais para identificação de SNPs.

Tópicos recentes

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

Share this:  Twitter  Facebook

Deixar uma Resposta

Escreva o seu comentário aqui...

Fill in your details below or click an icon to log in:



SP 5286
P. 167