



INFERÊNCIA BAYESIANA PARA SEQÜÊNCIA DE CONSENSO DE DNA USANDO MÉTODOS DE MONTE CARLO E BASEADO EM CADEIAS DE MARKOV COM SALTOS REVERSÍVEIS

Leandro Teixeira Sanchez (Bolsista SAE/UNICAMP) e Profa. Dra. Nancy Lopes Garcia (Orientadora), Instituto de Matemática, Estatística e Computação Científica - IMECC, UNICAMP

O objetivo deste trabalho é a estimação de uma seqüência de consenso de DNA e seu comprimento. A suposição principal deste trabalho é que a seqüência observada foi obtida da seqüência original através de um mecanismo aleatório oculto (neste caso, cadeia de Markov oculta). Assim, o espaço de parâmetro estendido é: a seqüência de consenso, seu comprimento, a matriz de transição da cadeia oculta, a matriz de produção e a própria cadeia oculta. Obteremos uma estimação bayesiana de *maximum a posteriori* selecionando a seqüência e o comprimento que maximizam a distribuição posteriori dos parâmetros dado as observações, escolhendo assim para representar o verdadeiro DNA. Neste caso, a distribuição a posteriori não é possível de ser obtida analiticamente e através de método de Monte Carlo baseado em uma cadeia de Markov de saltos reversíveis podemos obter uma amostra da distribuição a posteriori.

Inferência Bayesiana - Método de Monte Carlo - Cadeia de Markov oculta