



E236

**ANÁLISE ESTATÍSTICA DE POLIMORFISMO MOLECULAR EM SEQUÊNCIAS DE DNA**

Samara Flamini Kiihl (Bolsista PIBIC/CNPq) e Profa. Dra. Hildete Prisco Pinheiro (Orientadora), Instituto de Matemática, Estatística e Computação Científica - IMECC, UNICAMP

Durante os últimos dez anos um grande progresso ocorreu no estudo da evolução no nível molecular devido ao grande avanço no desenvolvimento de técnicas bioquímicas para o estudo do DNA, como a reação em cadeia de polimerase e o sequenciamento automático de ácidos nucleicos. Esta tecnologia tem gerado uma quantidade volumosa de dados que tem, por sua vez, exigido o desenvolvimento de métodos estatísticos para análise desses dados. O estudo de evolução molecular no nível de populações envolve a descrição dos padrões de polimorfismo molecular nas sequências de DNA e a inferência das causas em termos de mecanismos e forças evolutivas. Embora atualmente já existam diversos métodos voltados para o problema de inferência baseada em polimorfismos moleculares, a fundamentação teórica destes métodos ainda não está necessariamente bem estabelecida. Naturalmente, existe assim uma grande necessidade de estudos que clarifiquem os fundamentos destes métodos. Apresentaremos um estudo do comportamento dos estimadores de polimorfismo molecular existentes na literatura através do conhecimento de suas distribuições de probabilidade e comparações dos estimadores em termos de sua eficiência assintótica. Realizamos testes de hipóteses utilizando estes estimadores. O estudo da distribuição assintótica da estatística do teste foi feito através de simulações.

Polimorfismo - Inferência - Simulação