

Autore:

Dott. Crescenzo Gallo

Ing. Michelangelo De Bonis (Università di Foggia, Italy)

Università degli Studi di Foggia - Dip. Scienze Economiche, Matematiche e Statistiche

Titolo:

Using Neural Networks for classifying genomic patterns and protein structures

Abstract

The range of possible applications of modeling and simulation in bioinformatics is very large. These applications range from understanding basic metabolic pathways to exploring genetic movement. Molecular biologists need strong computational tools for defining models able to learn to recognize DNA and amino acid sequences and assign protein structures to certain sequences.

Such models can be created in the powerful computational environment offered by Mathematica with the Neural Networks module. Given the exponentially increasing rate at which models of proteins are being added to the Protein Data Bank (PDB), modeling and simulation of proteins and their interaction with other molecules are the most promising means of linking protein sequence, structure, function, and expression, with the clinical relevance of the proteome.

Descrizione dell'uso di Mathematica:

Il package Mathematica è stato utilizzato nella versione 7.0 in dotazione al laboratorio per l'analisi quantitativa dei dati del Dipartimento di Scienze Economiche, Matematiche e Statistiche dell'Università di Foggia.

In particolare si è fatto uso del modulo Neural Networks per la modellizzazione di reti neurali utilizzate per la classificazione di sequenze genomiche rispetto alle espressioni geniche note nelle banche dati mondiali. Si è anche fatto uso delle capacità di calcolo simbolico e numerico di Mathematica, nonché della possibilità di creazione di grafici per la presentazione sintetica dei risultati ottenuti.

L'attività di ricerca è stata effettuata in collaborazione con l'unità funzionale di Genomica del Centro Interdipartimentale BIOAGROMED dell'Università di Foggia.