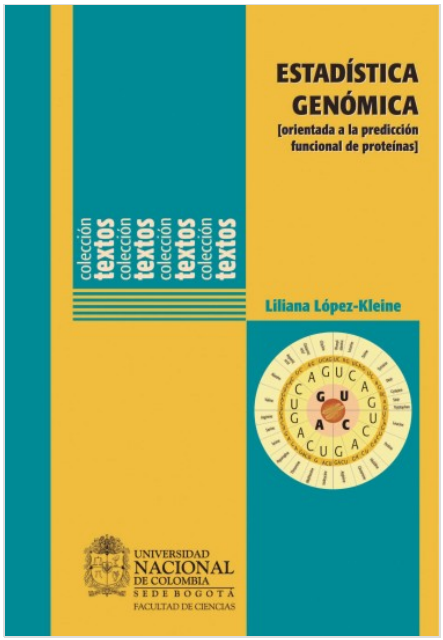
Estadística genómica orientada a la predicción funcional de proteínas

Autor

Lliliana López Kleine

Sinopsis

La generación de datos genómicos inició su boom con la secuenciación de los genomas en la década de los 90s, en especial con el Proyecto Genoma Humano. El perfeccionamiento y la disminución de costos de las técnicas moleculares usadas para la obtención de estos datos han conllevado, en los últimos veinte años, a un aumento casi exponencial en la cantidad de datos disponibles. En paralelo, se han desarrollado técnicas bioinformáticas y bioestadísticas, en el mundo y en Colombia, que buscan extraer información útil de esa gigantesca cantidad de datos generados. En este libro se presentan varios trabajos realizados por investigadores colombianos que buscan extraer información sobre la función de proteínas desconocidas a partir de datos genómicos diversos usando herramientas poco convencionales. Con el presente tomo dedicado a la estadística genómica pretendemos abarcar un aspecto esencial que concierne la obtención de información acerca de la posible función de las proteínas, cuyo papel en la célula no ha sido elucidado. El (des)conocimiento sobre estas proteínas es variable. Las denominadas proteínas hipotéticas o putativas han sido identificadas en el genoma gracias a un gen que aparentemente se transcribe y por lo tanto se piensa produce una proteína.



E-Book

Año de publicación: 2012

Presentación: PDF (Digital: descarga)

Tamaño: 7092762 Bytes

Número de páginas de la versión impresa: 128 Páginas

Número de páginas con contenido: 128 Páginas

ISBN13: 9789587619027

$20 BRL

2026 © Sistema Integrado de Metadata Estandarizada desarrollado por Hipertexto - Netizen

Las proteínas de función hipotética, tienen generalmente atribuida una función por presentar similaridad con otra proteína, cuya función se conoce. Esta situación se presenta en muchos casos y conlleva a errores, ya que la similaridad en secuencia puede deberse a una parte de la proteína que no es la responsable de la función atribuida. De esta forma se pueden propagar fácilmente errores en las bases de datos de un genoma a otro, los cuales son difíciles de depurar. De ahí la popularidad de las bases curadas, las cuales en principio contienen menos errores de este tipo, pero por lo tanto menos información.

LL

Sobre el autor

Llliana López Kleine



Palabras clave

Bioinformáticas; Bioestadísticas; Genómica; Predicción funcional de proteínas; Secuenciación de genomas; Proyecto genoma humano; Bioinformática

2026 © Sistema Integrado de Metadata Estandarizada desarrollado por Hipertexto - Netizen