

**MODELAGEM E SIMULAÇÃO EM BIOLOGIA COMPUTACIONAL E BIOINFORMÁTICA.**  
*Jandir Svierk Filho, Adelmo Luis Cechin (orient.) (UNISINOS).*

Devido a grande quantidade de dados existentes atualmente sobre os processos biológicos e físico-químicos das moléculas biológicas, a obtenção de modelos adequados torna-se uma tarefa farragosa de recursos de processamento computacional. Os dados existentes podem ser resumidos através de modelos, como as Redes Neurais Artificiais (RNAs), capazes de aprender mapeamentos não-lineares multidimensionais entre vetores de características das simulações e os resultados das mesmas. O estudo realizado é baseado em programas para o treinamento de RNAs e na literatura específica da área. Através do programa SNNS, que executa o treinamento das RNAs, investigou-se dois casos importantes. O primeiro caso descreve características das "Flores Íris" (realizado por Anderson em 1935). A partir de medidas de estruturas da flor, o sistema é capaz de determinar a espécie da mesma. Investigou-se a influência do número de neurônios na camada oculta sobre o desempenho do treinamento. O segundo caso descreve o comportamento do "Sistema Dinâmico descrito pelas Equações de Lorenz". As equações determinam o próximo estado do sistema a partir do estado atual. Para o funcionamento correto desta rede foi necessário criar um programa em C para gerar os valores das entradas e determinar a melhor estrutura para a Rede Recorrente. Inicialmente, a Rede Neural foi treinada com oito neurônios na camada oculta. Os resultados mostraram que o sistema é caótico devido à instabilidade e pelo fato de se desconhecer onde começa cada entrada e onde será gerada a saída. Verificou-se que o erro apresentado pelas RNAs para os problemas investigados é adequado para os propósitos do projeto. A metodologia é adequada tanto para problemas de classificação quanto para problemas de aproximação. A seguir, investigaremos a aplicação das RNAs a outros sistemas dinâmicos dentro do contexto do projeto. (Fapergs).