



Defesa de Dissertação de Mestrado em Modelagem Computacional

DATA: 25/06/2013
HORÁRIO: 14h
LOCAL: Sala S309 – Prédio REUNI
(Instituto de Ciências Exatas/ICE)

“Filtragem robusta de SNP utilizando redes neurais em DNA genômico completo”

Mestrando: Bruno Zonovelli da Silva
Orientador: Prof. Carlos Cristiano Hasenclever Borges

Banca Examinadora:

Prof. Carlos Cristiano Hasenclever Borges – UFJF (Presidente/Orientador), D.Sc.
Prof. Wagner Antonio Arbex – EMBRAPA (Coorientador), D.Sc.
Prof. Marcos Vinicius Gualberto Barbosa da Silva – EMBRAPA, D.Sc.
Prof. Raul Fonseca Neto – UFJF, D.Sc.

Resumo:

Com os crescentes avanços das plataformas de sequenciamento genômico, surge a necessidade de modelos computacionais capazes de analisar, de forma eficaz, o grande volume de dados disponibilizados. Uma das muitas complexidades, variações e particularidades de um genoma são os polimorfismos de base única (single nucleotide polymorphisms - SNPs), que podem ser encontrados no genoma de indivíduos isoladamente ou em grupos de indivíduos de alguma população, sendo originados a partir de inserções, remoções ou substituições de bases. Alterações de um único nucleotídeo, como no caso de SNPs, podem modificar a produção de uma determinada proteína. Os conjuntos de tais alterações tendem a provocar variações nas características dos indivíduos da espécie, que podem gerar alterações funcionais ou fenotípicas, que, por sua vez, podem implicar em consequências evolutivas nos indivíduos em que os SNPs se manifestam.

Entre os vários desafios em bioinformática, encontra-se a descoberta e filtragem de SNPs em DNA genômico, etapas de relevância no pós-processamento da montagem de genoma. Este trabalho propõe e desenvolve um método computacional capaz de filtrar SNPs em DNA genômico completo, utilizando genoma de referência remontado a partir de sequências oriundas de plataformas de nova geração. O modelo computacional desenvolvido baseia-se em técnicas de aprendizado de máquina e inteligência computacional, resultando em um filtro eficiente e capaz de classificar SNPs no genoma de um indivíduo, independente da plataforma de sequenciamento utilizada.