

SEMINÁRIOS DA COMPUTAÇÃO

Data: 26 de abril de 2012 (quinta-feira)

Horário: 10:00

Local: sala 3501, ICE - Instituto de Ciências Exatas, Campus da UFJF

O DCC - Departamento de Ciência da Computação e o PGCC - Programa de Pós-Graduação em Ciência da Computação da UFJF **convidam todos os professores, alunos e interessados** para as seguintes apresentações:

1) Bioinformática e Computação Científica Aplicadas à Pesquisa Agropecuária.

Dr. Wagner Arbex, EMBRAPA-Gado de Leite (Inteligência Computacional/Bioinformática)

A utilização de recursos e modelos computacionais e matemáticos adequados permite que várias questões de bioinformática possam ser tratadas sob novas técnicas com abordagens não triviais, como uma nova estratégia metodológica de tratamento dessas questões. A proposta de que sejam adotadas tais técnicas, a partir da modelagem do problema de bioinformática por recursos matemáticos e computacionais, vem complementar métodos frequentemente utilizados, como a abordagem estatística que, em geral, baseia-se no teste de experimentos frente a uma hipótese anteriormente definida. Sob essa ótica, a natureza dos problemas de bioinformática podem requerer a geração e avaliação de centenas e até milhares de hipóteses, o que faz com que somente sejam avaliadas por modelos computacionais, utilizando-se de técnicas específicas para esse fim.

arbex@cnpqi.embrapa.br (30 minutos)

2) Análise da Disseminação de Informação em Redes de Comunicação Considerando Dinâmica

Abraão Guimarães Flores, PGCC/UFJF (Redes de Computadores)

A dinamicidade é uma característica constante em sistemas reais. Ao avaliarmos um determinado sistema, nos deparamos com duas questões. Primeiro, como modelar a dinâmica. Segundo, como capturar mudanças do sistema, evitando agregar grande quantidade de informação. Este trabalho aborda o impacto em considerar a dinâmica na modelagem de redes. Os valores do tempo de difusão da informação não correspondem à realidade quando preditos ignorando a dinâmica. É verificado o ganho ao se considerar métricas topológicas para acelerar o processo de difusão. São simulados 3 algoritmos. Utilizando o modelo SoA, há um ganho de até 20% em relação ao *Random Walk*. Com o modelo CuT, se alcança o tempo de difusão mínimo a rede, dado pelo modelo Epidêmico.

abraao.guimaraes@ice.ufjf.br (20 minutos)

3) Síntese Automática de Interfaces Gráficas de Usuário para Sistemas de Informação em Saúde

Iuri Malinoski Teixeira, PGCC/UFJF (Engenharia de Software)

Técnicas de Desenvolvimento Dirigido por Modelos (DDM) permitem reduzir o alto custo de desenvolvimento para Sistemas de Informação em Saúde (SIS). Modelos de dados clínicos baseados em especificações padronizadas facilitam sobremaneira a aplicação de técnicas de DDM para SIS. Entretanto, não resolve sozinho o problema fundamental do alto custo de desenvolvimento de SIS, que é deslocado para os processos de transformação de modelos. Neste trabalho apresentamos uma técnica de DDM em que modelos de dados clínicos são enriquecidos com informações arquiteturais que permitem diferenciar essas famílias de SIS. Aplicamos essa técnica na síntese automática de interfaces gráficas de usuário para SIS, e discutiremos sobre nossa hipótese de que a mesma pode melhor articular especialistas de domínio e desenvolvedores de SIS.

iuri@incc.br (20 minutos)