

III Workshop de Dissertações de Mestrado do PPgSI (2016)

FICHA DA PESQUISAⁱ

| DADOS GERAIS | | | | | |
|--------------------------------------|---|---|--|--|--------------------------------------|
| Título do projeto de pesquisa | Uma nova abordagem para identificar a provável origem de genes específicos | | | | |
| Orientando | Priscilla Koch Wagner | | | | |
| Orientador(es) | Luciano Antonio Digiampietri | | | | |
| Momento atual | <input type="checkbox"/> 2º semestre | <input checked="" type="checkbox"/> 3º semestre | <input type="checkbox"/> 4º semestre | <input type="checkbox"/> 5º semestre | <input type="checkbox"/> 6º semestre |
| Qualificação | <input checked="" type="checkbox"/> Qualificação já realizada em: 27/06/2016 | | <input type="checkbox"/> Qualificação planejada para: ____/____/____ | | |
| Defesa | Prazo máximo para depósito: 05/02/2018 | | Depósito planejado para: 30/04/2017 | | |
| Linha e Área de pesquisa | <input type="checkbox"/> Gestão e desenvolvimento de Sistemas: <input type="checkbox"/> BD <input type="checkbox"/> Gestão de SI <input type="checkbox"/> Eng. de Software <input type="checkbox"/> IHC | | <input checked="" type="checkbox"/> Inteligência de Sistemas: <input checked="" type="checkbox"/> IA <input type="checkbox"/> Rec. de Padrões <input type="checkbox"/> Proc. Gráfico | | |
| Área de aplicação | <input type="checkbox"/> Ambientes Corporativos <input checked="" type="checkbox"/> Bioinformática <input type="checkbox"/> Biometria <input type="checkbox"/> Economia | <input type="checkbox"/> Educação <input type="checkbox"/> Educação a Distância <input type="checkbox"/> Internet <input type="checkbox"/> Jogos | <input type="checkbox"/> Linguagem Natural <input type="checkbox"/> Linguística <input type="checkbox"/> Processos de Negócio <input type="checkbox"/> Química | <input type="checkbox"/> Redes Sociais <input type="checkbox"/> Robótica <input type="checkbox"/> Saúde <input type="checkbox"/> [outro – escrever] | |
| Publicações | <p>Até o momento, a aluna já participou da publicação de dois resumos no formato de pôster:</p> <p>- Pereira, V. M. Y.; WAGNER, P. K.; Digiampietri, L.A. Bacterial whole genome comparison: a systematic literature review. In: X-Meeting 2015 - 11th International Conference of th AB3C + Brazilian Symposium of Bioinformatics. 2015.</p> <p>- WAGNER, P. K.; Pereira, V. M. Y.; Digiampietri, L. A. A systematic review of phylogenetic analysis of a special gene. In: X-Meeting 2015 - 11th International Conference of th AB3C + Brazilian Symposium of Bioinformatics. 2015.</p> | | | | |

| DESCRIÇÃO DO PROJETO DE PESQUISA | |
|-------------------------------------|--|
| Contextualização / motivação | A identificação da origem de um gene, especialmente de genes exclusivos, é fundamental para entender as características específicas dessa espécie e ajuda na identificação de doenças ou no desenvolvimento de vacinas. |
| Problema de pesquisa | De forma geral, o problema abordado neste trabalho é a identificação da filogenia de um dado gene. Decidiu-se por utilizar genes exclusivos para teste das abordagens propostas; devido à complexidade deste problema e da importância da identificação da filogenia de genes exclusivos para a biologia comparativa. |
| Objetivo geral da pesquisa | O objetivo deste projeto é a aplicação de uma nova abordagem para análise da filogenia de genes exclusivos, considerando os genomas do banco mundial, melhorando e integrando ferramentas já existentes; permitindo o entendimento das possíveis relações evolutivas de um dado gene exclusivo em relação a diferentes espécies. |
| Trabalhos relacionados | Tan e Wu (2011) propõem o Phytree, um workbench que integra as ferramentas Blast, ClustalW e Tree-Puzzle, para pesquisa de sequências homólogas, alinhamento múltiplo e reconstrução da árvore filogenética. Moreira et al. (2010) estuda genomas de <i>Xanthomonas</i> , com ênfase nos genes exclusivos presentes em determinadas espécies. Apesar de não ser um trabalho da área de computação, poderá ser utilizado para comparação e validação dos resultados obtidos neste projeto. Por fim, Pereira (2014) desenvolveu as ferramentas utilizadas nesse trabalho para seleção de genes exclusivos. |
| Justificativa e relevância | Apesar da importância da identificação da filogenia de genes exclusivos, não foram encontradas abordagens robustas para a realização dessa tarefa em específico. As ferramentas existentes atualmente são genéricas, não apresentando bons resultados para análise de genes exclusivos. Além disso, são capazes de apresentar resultados detalhados para pequenos volumes de dados. Porém, encontram dificuldades ao lidar com grandes volumes de dados, onde existe cruzamento de informações de espécies muito distantes evolutivamente. |
| Proposta para Solução | A proposta visa a especificar uma abordagem suficientemente robusta e adequada, que integre as tarefas do processo de análise filogenética, melhorando as ferramentas existentes e lidando com grandes volumes de dados. Além disso, o projeto pretende analisar algumas hipóteses em relação à origem de genes exclusivos de bactérias. |
| Dados | O presente projeto irá utilizar em seus estudos de caso dados do banco de genomas do NCBI (National Center for Biotechnology Information), especialmente genomas de bactérias do gênero <i>Xanthomonas</i> . Essa base de genomas contém as sequências de aminoácidos e nucleotídeos de diversas espécies. |
| Validação | Os resultados e as ferramentas desenvolvidas serão validados com especialistas do domínio. Outra forma de |

