

# Análise de Redes de Regulação Gênica com Deep Learning

Elcio Pereira de Souza Junior  
Orientador: Ricardo dos Santos Ferreira

Universidade Federal de Viçosa

*elcio.souza@ufv.br*

29 de Agosto de 2018

# Sumário

- 1 Objetivo
- 2 Complexidade
- 3 Abordagem
- 4 Ferramentas
- 5 Cronograma
- 6 Dúvidas e Contato
- 7 Referências

# Objetivo

Este trabalho tem por objetivo estudar e fornecer um novo método de abordagem para análise de redes reguladoras gênicas com foco no tratamento do câncer. Por meio deste esperasse simplificar o processo de diagnóstico juntamente com a maximização da eficácia na elaboração de terapias anticâncer.

# Complexidade

A complexidade deste trabalho surge devido a análise à nível molecular que deve ser realizado na elaboração das terapias anticancer, pois isto envolve um grande número de proteínas que estarão interagindo nestes sistemas. Para obter uma simplificação do processo que será realizado, será utilizado o conceito de redes reguladoras de gênese, que expressam um modelo de interação de proteína-proteína. Com esta representação será possível realizar visualizações (microscópio molecular simbólico), simulação de interações e até mesmo mutações em modelos multiescala de crescimento tumoral.

# Abordagem

Para a resolução deste problema o presente trabalho propõem uma abordagem diferente da realizada em trabalhos anteriores a este e que serão utilizados como base para o mesmo (a descrição destes por sua vez estarão presentes na versão final deste trabalho, juntamente com os seus resultados, a fim realizarmos um trabalho comparativo entre os métodos). Logo, este trabalho propõem a utilização de técnicas de machine learning, especificamente o uso de redes neurais profundas.

# Ferramentas

## Ferramentas que serão utilizadas:

- 1 Tensorflow
- 2 Python 3
- 3 GPU - Graphics Processing Unit

# Cronograma

Atividades	Ago.	Set.	Out.	Nov.
Estudo	x	x	x	x
Modelagem	-	x	x	-
Treinamento	-	-	x	-
Teste	-	-	x	x

**Tabela:** Cronograma gerado em 29 de agosto de 2018

# Dúvidas e Contato

- Site do projeto: <https://github.com/Necropsy/GRNDL>
- Email de contato: [elcio.souza@ufv.br](mailto:elcio.souza@ufv.br)



# Referências



Fumiã HF, Martins ML (2013)

Boolean Network Model for Cancer Pathways: Predicting Carcinogenesis and Targeted Therapy Outcomes.

*PLoS ONE* 8(7): e69008. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0069008>.

Obrigado!