

Sumário

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.

O que foi feito ate aqui:

- 1 Cálculo dos Atratores
- 2 Módulo em Python
- 3 Base de Treino

Peculiaridades desta etapa

- 1 Tempo de execução (Python)
- 2 Bibliotecas (Anaconda)
- 3 Parse entre C/C++ e Python
- 4 Gerenciamento de memória

O que será feito:

- 1 Treinamento da rede
- 2 Conexão com Cytoscape
- 3 Comparativo com implementação em CUDA

Ferramentas

Ferramentas utilizadas:

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

Linguagens utilizadas:

- 1 C/C++
- 2 Python 3

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://necropsy.github.io/GRNDL>
- Email de contato: 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>.



Lu, J. et al (2015)

Network Modelling Reveals the Mechanism Underlying Colitis- associated Colon Cancer and Identifies Novel Combinatorial Anti-cancer Targets.

Sci Rep. 5, 14739; doi: 10.1038/srep14739 (2015).



Andrade, Tales Pinheiro de (2012)

Interações gênicas usando redes Booleanas linearizadas modeladas como um problema de satisfação de restrições.

Dissertação de Mestrado USP (São Paulo). Doi: 10.11606/D.45.2012.tde-05062012-150618.

Obrigado!