



Augusto Fernandes Vellozo

possui graduação em Ciência da Computação pela Universidade Estadual de Campinas (1989), doutorado em Ciência da Computação pela Universidade de São Paulo (2007) e pós-doutorado em bioinformática na Université Lyon I (2007-2010). Tem experiência na área de Ciência da Computação, com ênfase em Teoria da Computação, atuando principalmente nos seguintes temas: alinhamento de sequências, biologia computacional, programação dinâmica, alinhamento com rearranjos, redes metabólicas, motifs e bioinformática.

(Texto informado pelo autor)

Última atualização em 08/03/2010

Endereço para acessar este CV:
<http://lattes.cnpq.br/2024974104338199>

Dados Pessoais

Nome Augusto Fernandes Vellozo

Filiação Eustáquio Fernandes Vellozo e Ignêz Dacal Vellozo

Nascimento 12/04/1967 - Avaré/SP - Brasil

Carteira de Identidade 16187494 SSP - SP - 10/09/1981


CPF 07430913881

Endereço residencial 10 rue Paul Cambon
 - Villeurbanne
 69100, - França
 Telefone: 33 426766582

Endereço profissional Université Claude Bernarde Lyon I
 43 bd du 11 novembre 1918 - Bât. Grégor Mendel
 - Villeurbanne
 69622, - França

Endereço eletrônico e-mail para contato : augustovmail-cnpq@yahoo.com.br
 e-mail alternativo : avellozo@gmail.com

Formação Acadêmica/Titulação

- 2009** Pós-Doutorado.
 Université Claude Bernarde Lyon I, LYON I, Lyon, França
- 2008 - 2009** Pós-Doutorado.
 Institut National des Sciences Appliquées de Lyon, INSAL*, Lyon, França
- 2007 - 2008** Pós-Doutorado.
 Université Claude Bernarde Lyon I, LYON I, Lyon, França
- 2001 - 2007** Doutorado em Ciência da Computação.
 Universidade de São Paulo, USP, São Paulo, Brasil
 Título: Alinhamento de sequências com rearranjos, Ano de obtenção: 2007
 Orientador: Alair Pereira do Lago 
 Bolsista do(a): Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior
- 1997 - 1998** Especialização em Informática e Sistemas de Informação.
 Universidade de Sorocaba, UNISO, Sorocaba, Brasil
 Título: Banco de dados orientado a objetos

- 1995 - 1996** Especialização em Administração de marketing.
Universidade de Sorocaba, UNISO, Sorocaba, Brasil
Título: Marketing em pequenas empresas
- 1985 - 1989** Graduação em Ciência da Computação.
Universidade Estadual de Campinas, UNICAMP, Campinas, Brasil

Atuação profissional

1. Universite Claude Bernarde Lyon I - LYON I

Vínculo institucional

- 2009 - Atual** Vínculo: Celetista formal , Enquadramento funcional: Pós-doutorado , Carga horária: 40, Regime: Dedicação Exclusiva
- 2007 - 2008** Vínculo: Celetista formal , Enquadramento funcional: Pós-doutorado , Carga horária: 40, Regime: Dedicação Exclusiva

Atividades

- 07/2009 - Atual** Projetos de pesquisa, LBBE - UMR CNRS 5558 Laboratoire de Biométrie et Biologie évolutive

Participação em projetos:

MetNet - Systems level analysis of the Pea Aphid , NEMO - Network Motifs

2. Institut National des Sciences Appliquees de Lyon - INSAL *

Vínculo institucional

- 2008 - 2009** Vínculo: Celetista formal , Enquadramento funcional: Pós-doutorado , Carga horária: 40, Regime: Dedicação Exclusiva

Atividades

- 07/2008 - 07/2009** Projetos de pesquisa, Biologie Fonctionnelle Insectes et Interactions - BF2I

Participação em projetos:

MetNet - Systems level analysis of the Pea Aphid

3. Universidade de São Paulo - USP

Vínculo institucional

- 2004 - 2007** Vínculo: Outro (Aluno) , Enquadramento funcional: Aluno Doutorado

Atividades

- 2006 - 2007** Projetos de pesquisa, Instituto de Matemática e Estatística, Departamento de Ciência da Computação

Participação em projetos:

Computational Biology, Algorithmics, Combinatorial Optimization

- 2004 - 2007** Projetos de pesquisa, Instituto de Matemática e Estatística, Departamento de Ciência da Computação

Participação em projetos:

Algorithmic Questions on Molecular Biology

4. Instituto Brasileiro de Tecnologia Avançada - IBTA

**Vínculo
institucional**

2002 - 2003 Vínculo: Celetista , Enquadramento funcional: Professor titular II , Carga horária: 12, Regime: Parcial

Atividades

02/2002 - 06/2003 Graduação, Administração de redes

*Disciplinas Ministradas:
Programação orientada a objetos , Fundamentos de software*

02/2002 - 06/2003 Graduação, Banco de Dados

*Disciplinas Ministradas:
Fundamentos de software , Programação orientada a objetos*

5. Universo OnLine Ltda. - UOL**Vínculo
institucional**

2000 - 2004 Vínculo: Celetista , Enquadramento funcional: Analista programador , Carga horária: 40, Regime: Integral

Atividades

04/2000 - 01/2004 Serviço Técnico Especializado, Departamento de desenvolvimento de software

*Especificação:
Desenvolvimento de software*

6. Banco Bradesco - BRADESCO**Vínculo institucional**

1999 - 2000 Vínculo: Colaborador , Enquadramento funcional: Analista programador , Carga horária: 40, Regime: Dedicção Exclusiva

7. Banco Finasa - FINASA**Vínculo institucional**

1997 - 1999 Vínculo: Celetista , Enquadramento funcional: Analista programador , Carga horária: 40, Regime: Dedicção Exclusiva

8. Vellozo Informática - VELLOZO**Vínculo institucional**

1995 - 1997 Vínculo: Proprietário , Enquadramento funcional: Analista programador , Carga horária: 40, Regime: Dedicção Exclusiva

9. ABR Sistemas - ABR**Vínculo
institucional**

1992 - 1995 Vínculo: Sócio , Enquadramento funcional: Diretor , Carga horária: 40, Regime: Dedicção Exclusiva

10. Quantum Computadores - QUANTUM**Vínculo institucional**

1989 - 1991 Vínculo: Celetista , Enquadramento funcional: Analista programador , Carga horária: 40, Regime: Dedicação Exclusiva

Projetos**2009 - 2010** MetNet - Systems level analysis of the Pea Aphid

Descrição: From a metabolic perspective, an animal comprises a set of metabolic compartments (including organs) connected by the inter-compartment transfer of metabolites. We seek to construct and analyse multi-compartment models of metabolism, by transforming a single global metabolic network into a set of compartment networks of overlapping composition using flux balance analysis. In parallel, we will develop and apply two computational approaches for network analysis: an exploration of metabolic network motifs, and elementary modes to characterize and compare networks. Large inter-compartment metabolic differences facilitating model development will be achieved in our system comprising two distinct genomes within a single animal: the pea aphid *Acyrtosiphon pisum* and its symbiotic bacteria *Buchnera* housed in a special organ, the bacteriome. The first model comprises two compartments, describing how the insect and bacterial networks mediate the transformation of precisely known diet components to yield biomass production (and waste); and subsequent models are of increasing complexity, involving the subdivision of the insect network into overlapping, but distinct, networks of the contributing compartments/organs. Model construction will be informed by empirical data collected on the aphid transcriptome, *Buchnera* proteome and embryo nutrient budgets within this project, and the model outputs will be validated against whole-insect metabolic and nutritional datasets obtained previously from the investigators' labs. Algorithms and models developed in this project will be maintained in a central Repository linked to pre-existing databases, suitable for data-sharing within the project and dissemination to the wider community. The outputs will include metabolic network data for a range of insects with well-developed genomic resources.

Situação: Em Andamento Natureza: Pesquisa

Integrantes: Augusto Fernandes Vellozo; Marie France Sagot (Responsável)

Financiador(es): Agence Nationale de la Recherche-ANR

2009 - 2010 NEMO - Network Motifs

Descrição: The project is organized into 5 tasks: 1. Definition and enumeration of network motifs 2. Realistic random graph models for biological networks 3. Assessing motif exceptionality 4. Network comparison 5. From network motifs to data integration

Situação: Em Andamento Natureza: Pesquisa

Integrantes: Augusto Fernandes Vellozo; Marie France Sagot (Responsável)

Financiador(es):

2008 - 2009 MetNet - Systems level analysis of the Pea Aphid

Descrição: From a metabolic perspective, an animal comprises a set of metabolic compartments (including organs) connected by the inter-compartment transfer of metabolites. We seek to construct and analyse multi-compartment models of metabolism, by transforming a single global metabolic network into a set of compartment networks of overlapping composition using flux balance analysis. In parallel, we will develop and apply two computational approaches for network analysis: an exploration of metabolic network motifs, and elementary modes to characterize and compare networks. Large inter-compartment metabolic differences facilitating model development will be achieved in our system comprising two distinct genomes within a single animal: the pea aphid *Acyrtosiphon pisum* and its symbiotic bacteria *Buchnera* housed in a special organ, the bacteriome. The first model comprises two compartments, describing how the insect and bacterial networks mediate the transformation of precisely known diet components to yield biomass production (and waste); and subsequent models are of increasing complexity, involving the subdivision of the insect network into overlapping, but distinct, networks of the contributing compartments/organs. Model construction will be informed by empirical data collected on the aphid transcriptome, *Buchnera* proteome and embryo nutrient budgets within this project, and the model outputs will be validated against whole-insect metabolic and nutritional datasets obtained previously from the investigators' labs. Algorithms and models developed in this project will be maintained in a central Repository linked to pre-existing databases, suitable for data-sharing within the project and dissemination to the wider community. The outputs will include metabolic network data for a range of insects with well-developed genomic resources.

Situação: Concluído Natureza: Pesquisa

Integrantes: Augusto Fernandes Vellozo; Marie France Sagot (Responsável)

Financiador(es): Agence Nationale de la Recherche-ANR

2006 - 2007 Computational Biology, Algorithmics, Combinatorial Optimization

Descrição: The research proposed will focus mainly on computational biology. The technological advances in biological related areas of recent years has allowed a huge amount of information to be produced. It is one of the main current challenges for biologists to be able to extract knowledge from all this data, and a challenge also for the computer scientists and mathematicians to participate with the biologists in this process. The analysis of this data involves, among many other issues, the formalization of problems and the search for efficient algorithms to solve them. This is a continuous process in the sense that the solutions produced by the algorithms will usually lead to new research that has for objective refining the models, and will therefore result in new problems and/or the development of increasingly more sophisticated algorithms. The main goal of the association between the HELIX and USP teams is to work on such types of questions: the formalization of problems coming from biology and the search for efficient algorithms to solve these problems.

Situação: Concluído Natureza: Pesquisa

Alunos envolvidos: Graduação (0); Especialização (0); Mestrado acadêmico (0); Mestrado profissionalizante (0); Doutorado (2);

Integrantes: Augusto Fernandes Vellozo; Yoshiko Wakabayashi (Responsável)

Financiador(es): Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo-FAPESP

2004 - 2005 Algorithmic Questions on Molecular Biology

Descrição: The research proposed here will mainly focus on computational biology. The technological advances in biology related areas allowed a huge amount of information to be extracted. It is one of the main current challenges for biologists to be able to extract knowledge from all this data and a challenge also for the computer scientists to help the biologists in this process. The analysis of this data involves, among many other issues, the formalization of problems and the search for efficient algorithms to solve these problems. This is a continuous process in the sense that the solutions produced by the algorithms will usually lead a refinement of the models and problem formulations, and will therefore require new algorithms. The main goal of this project is to work on these type of questions: the formalization of problems coming from biology and the search for efficient algorithms for these problems. <http://www.ime.usp.br/~cris/inria/>

Situação: Concluído Natureza: Pesquisa

Alunos envolvidos: Graduação (2); Especialização (0); Mestrado acadêmico (0); Mestrado profissionalizante (2); Doutorado (2);

Integrantes: Augusto Fernandes Vellozo; Carlos Eduardo Ferreira (Responsável)

Financiador(es): Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo-FAPESP

Áreas de atuação

1. Biologia Computacional
2. Teoria da Computação
3. Sistemas de Computação
4. Metodologia e Técnicas da Computação


Idiomas

Inglês Compreende Razoavelmente , Fala Razoavelmente, Escreve Razoavelmente, Lê Bem


Francês Compreende Bem , Fala Razoavelmente, Escreve Razoavelmente, Lê Bem

Português Compreende Bem , Fala Bem, Escreve Bem, Lê Bem


Produção em C, T & A**Produção bibliográfica****Artigos completos publicados em periódicos**

1. ★  The International Aphid Genomics Consortium, Augusto Vellozo
Genome Sequence of the Pea Aphid *Acyrtosiphon pisum*. PLoS Biology. , v.8, p.e1000313 - , 2010.
Referências adicionais : Inglês. Meio de divulgação: Meio digital, Home page: [<http://dx.doi.org/10.1371/journal.pbio.1000313>]
[doi:10.1371/journal.pbio.1000313]

Trabalhos publicados em anais de eventos (completo)

1. ★  Augusto F. Vellozo, Carlos e r Alves, Alair Pereira do Lago
Alignment with non-overlapping inversions in $\{O(n^3)\}$ -time In: WABI, 2006, Zurique.
Algorithms in Discrete Mathematics. Berlin / Heidelberg: Springer, 2006. v.4175. p.186 - 196
Referências adicionais: Suíça/Inglês. Meio de divulgação: Vários, Home page: [<http://www.springerlink.com/content/w1gw8u371006g603/>]

Trabalhos publicados em anais de eventos (resumo expandido)

1. ★  Carlos e r Alves, Alair Pereira do Lago, Augusto F. Vellozo
Alignment with non-overlapping inversions in $\{O(n^3 \log n)\}$ -time In: GRACO, 2005, Angra dos Reis.
Electronic Notes in Discrete Mathematics - Proceedings of GRACO2005. Amsterdam: Elsevier, 2005. v.19. p.365 - 371
Referências adicionais: Holanda/Inglês. Meio de divulgação: Vários, Home page: [<http://www.sciencedirect.com/science/article/b75gv-4g8mt0t-1p/2/15ca35c3828cd2c20967326055dbf2f7>]

Produção Técnica**Softwares sem registro ou patente**

1. ★ Augusto Vellozo, Stefano Colella
Cycads - Cyc Annotation Database system, 2009

Demais produções técnicas

1. ★ Augusto Vellozo, Stefano Colella
AcypiCyc - Acyrthosiphon pisum Cyc database, 2009. (Outra produção técnica)
Referências adicionais: França/Inglês. Meio de divulgação: Meio digital
<http://acypicyc.cycadsys.org> <http://acypicyc.cycadsys.org> Abstract: The AcypiCyc database has been generated at the Université de Lyon in a collaboration between the UMR203 INRA-INSA de Lyon, Biologie fonctionnelle des insectes et interactions (BF2I) and the Baobab team at UMR5558 LBBE CNRS-UCBL1; both groups are member of the INRIA Bamboo team-project. The database is hosted at the Pôle Rhône-Alpes de Bioinformatique (PRABI). We are working on a version that includes KAAS, PRIAM, BLAST2GO and PhylomeDB annotations. We will add more annotations soon. At present, you will be able to compare *Acyrthosiphon pisum* metabolism to *Buchnera aphidicola* APS REVISED (generated in Lyon inside the SymbioCyc database).

Eventos**Participação em eventos**

1. Apresentação de Poster / Paineis no(a) **6th ISS Congress**, 2009. (Congresso)
AcypiCyc (Acyrthosiphon pisum Cyc database): a model database to visualize and study the metabolic network underlying the pea aphid-Buchnera symbiosis.
2. Apresentação de Poster / Paineis no(a) **Réseau Français de Biologie Adaptative des Pucerons**, 2009. (Simpósio)
AcypiCyc (Acyrthosiphon pisum Cyc database) and CycADS (Cyc Annotation Database System): moving from genome sequence annotation to metabolic network analyses..
3. Apresentação de Poster / Paineis no(a) **8th International Symposium on Aphids**, 2009. (Simpósio)
AcypiCyc (Acyrthosiphon pisum Cyc database) and CycADS (Cyc Annotation Database System): moving from genome sequence annotation to metabolic network analyses..
4. Apresentação de Poster / Paineis no(a) **II Pea Aphid Genome Annotation Workshop**, 2009. (Simpósio)
The Acyrthosiphon pisum Cyc database (AcypiCyc) created using a novel BioCyc Annotation Database System (CycADS): a useful tool to explore and study the pea aphid metabolism..
5. **Metabolic Pathways Analysis 2009**, 2009. (Simpósio)
.
6. Apresentação de Poster / Paineis no(a) **Pea Aphid Genome Annotation Workshop I**, 2008. (Simpósio)
Annotation of metabolism genes: towards the implementation of an Acyrthosiphon pisum Cyc database (ApsCyc) to perform metabolic network analyses.
7. Apresentação de Poster / Paineis no(a) **IPG (Integrative Post-Genomics)**, 2008. (Simpósio)
Development of the Acyrthosiphon pisum Cyc database (ApsCyc): from genome sequence to metabolic network analyses.

8. **BioCyc and Pathway Tools tutorial**, 2008. (Oficina)

.

9. **JOBIM**, 2008. (Congresso)

.

Página gerada pelo Sistema Currículo Lattes em 08/03/2010 às 10:28:15.