

O problema de predição de estrutura de proteínas é atualmente um dos problemas em aberto mais importantes da Ciência da Computação e Bioinformática. Este trabalho apresenta uma abordagem que combina diversos recursos científicos e tecnológicos direcionados a solução do problema. Dentre eles, pode-se destacar o uso de inserção de fragmentos como um método de incorporar informação do domínio do problema, a utilização da rotina de Hooke-Jeeves para efetuar buscas locais e clusterização de conformações guiadas por RMSD. O método proposto foi avaliado com as 10 proteínas mais utilizadas na literatura e os resultados obtidos foram competitivos com o estado da arte.

Orientador: Prof. Dr. Rafael Stubs Parpinelli

JOINVILLE, 2019

ANO 2019 RENAN SAMUEL DA SILVA

A SELF ADAPTIVE GREEDY EVOLUTIONARY ALGORITHM USING MONTE CARLO FRAGMENT INSERTION AND CONFORMATION CLUSTERING



UNIVERSIDADE DO ESTADO DE SANTA CATARINA – UDESC
CENTRO DE CIÊNCIAS TECNOLÓGICAS – CCT
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM COMPUTAÇÃO
APLICADA – PPGCA

DISSERTAÇÃO DE MESTRADO

**A SELF ADAPTIVE GREEDY EVOLUTIONARY
ALGORITHM USING MONTE CARLO FRAGMENT
INSERTION AND CONFORMATION CLUSTERING**

RENAN SAMUEL DA SILVA

JOINVILLE, 2019