

Universidade de São Paulo
Instituto de Física de São Carlos

XII Semana Integrada do Instituto de
Física de São Carlos

Livro de Resumos

São Carlos
2022

Semana Integrada do Instituto de Física de São Carlos

SIFSC 12

Coordenadores

Prof. Dr. Osvaldo Novais de Oliveira Junior

Diretor do Instituto de Física de São Carlos – Universidade de São Paulo

Prof. Dr. Javier Alcides Ellena

Presidente da Comissão de Pós Graduação do Instituto de Física de São Carlos – Universidade de São Paulo

Profa. Dra. Tereza Cristina da Rocha Mendes

Presidente da Comissão de Graduação do Instituto de Física de São Carlos – Universidade de São Paulo

Comissão Organizadora

Adonai Hilario

Arthur Deponte Zutião

Elisa Goettems

Gabriel dos Santos Araujo Pinto

Henrique Castro Rodrigues

Jeffer Santiago Mares

João Victor Pimenta

Julia Martins Simão

Letícia Martinelli

Lorany Vitoria dos Santos Barbosa

Lucas Rafael Oliveira Santos Eugênio

Natasha Mezzacappo

Paulina Ferreira

Vinícius Pereira Pinto

Willian dos Santos Ribela

Normalização e revisão – SBI/IFSC

Ana Mara Marques da Cunha Prado

Maria Cristina Cavarette Dziabas

Maria Neusa de Aguiar Azevedo

Sabrina di Salvo Mastrantonio

Ficha catalográfica elaborada pelo Serviço de Informação do IFSC

Semana Integrada do Instituto de Física de São Carlos
(12: 10 out. - 14 out. : 2022: São Carlos, SP.)
Livro de resumos da XII Semana Integrada do Instituto de
Física de São Carlos/ Organizado por Adonai Hilario [et al.]. São
Carlos: IFSC, 2022.

446 p.

Texto em português.

1. Física. I. Hilario, Adonai, org. II. Título

ISBN: 978-65-993449-5-4

CDD: 530

PG156

Extração de informações biológicas de redes a partir de medidas topológicas

SANTOS, João Paulo Cassucci dos; BRUNO, Odemir Martinez

joao.cassucci@usp.br

O fungo *Aspegillus fumigatus* é um agente patológico que pode causar infecções no tecido epitelial pulmonar de pessoas imunocomprometidas, e que tem desenvolvido resistência a fungicidas, aumentando o risco de crises sanitárias. O projeto tem como objetivo utilizar-se de redes metabólicas a partir de experimentos de expressão genética do *A. fumigatus* de modo a prever novas relações funcionais entre genes, elucidando melhor a sua resposta metabólica a fungicidas. O banco de dados utilizado como base para este projeto veio de experimentos de RNA-Seq do fungo selvagem e de mutantes expostos ao fungicida Caspofungin em diferentes períodos de exposição. As redes metabólicas foram montadas utilizando-se do método de “Highest Reciprocal Ranking” (1), que baseia-se na correlação de Pearson para estabelecer arestas entre genes, e extrair possíveis informações biológicas com base na coexpressão dos genes associados. As redes montadas foram divididas em clusters, que foram caracterizados como enriquecidos ou não em termos biológicos com base no banco de dados STRING. Com as redes caracterizadas, foi possível então, utilizar-se de algoritmos desenvolvidos pelo grupo de visão computacional para obter medidas topológicas das redes que possam diferenciar aquelas que estavam enriquecidas das não-enriquecidas. Entre estes algoritmos estão o LLNA (Life-Like Network Automata) (2) e RNN (Random Neural Network) (3), dois métodos capazes de extrair características de redes complexas que são de difícil caracterização convencionalmente. Estas características foram utilizadas por algoritmos de inteligência artificial para treinamento e teste de modo a obter um modelo matemático capaz de prever se a rede fornece informações biológicas ou é meramente um artifício matemático. Este modelo será útil na predição de funções biológicas de genes desconhecidos que se relacionam com genes já caracterizados através do princípio de “guilt-by-association”.

Palavras-chave: Redes complexas. Inteligência artificial. Bioinformática.

Agência de fomento: FAPESP (2022/06218-7)

Referências:

- 1 LIESECKE, F. *et al.* Ranking genome-wide correlation measurements improves microarray and RNA-seq based global and targeted co-expression networks. **Scientific Reports**, v.8, n.1, p.10885,2018.
- 2 MIRANDA, G. H. B.; MACHICAO, J. Exploring spatio-temporal dynamics of cellular automata for pattern recognition in networks. **Scientific Report s**,v. 6, p.37329,2016.
- 3 RIBAS, L. C. *et al.* Fusion of complex networks and randomized neural networks for texture analysis. **Pattern Recognition**, v.103,p.107189,July 2020.