

# WB2017 - Trabalhos aceitos

Alisson Lucas Souza, Marcelo R. A. Ferreira and André L. M. Martinez. Reconstrução de Estruturas de Proteínas: Otimização Contínua e Discreta
Juliana Morini Küpper Cardoso Perseguini, Alisson Fernando Chiorato and Luciana Lasry Benchimol Reis. Mapeamento associativo para teores de ferro e zinco em feijão comum utilizando marcadores moleculares
Marcela de Paiva Foletto Felipe, Renato Polimeni Constantin, Paulo Sérgio Alves Bueno, Flavio Augusto Vicente Seixas, Wanderley Dantas Dos Santos, Osvaldo Ferrarese-Filho and Rogério Marchiosi. Determinação da estrutura da O-Acetilserina (Tiol) Liase de <i>Zea mays</i> como alvo para o desenvolvimento de herbicidas
Renato Polimeni Constantin, Marcela de Paiva Felipe-Foletto, Paulo Sérgio Alves Bueno, Flavio Augusto Vicente Seixas, Wanderley Dantas Dos Santos, Osvaldo Ferrarese-Filho and Rogério Marchiosi. Piruvato Ortofosfato Dikinase de <i>Digitaria sanguinalis</i> como alvo para o desenvolvimento de herbicidas
Glauco Akelington Freire Vitiello, Marla Karine Amarante, Nathália De Sousa Pereira, Bruna Karina Banin Hirata, Alberto Yoichi Sakaguchi, Caroline Yukari Motoori Fernandes, Cintya Mayumi Ishibashi, Marcos Henrique Rosa, Carlos Eduardo Coral de Oliveira, Roberta Losi-Guembarovski and Maria Angelica Ehara Watanabe. Predição da estrutura tridimensional e determinantes antigênicos da proteína gp52 (env) do Vírus do Tumor Mamário Murino (MMTV)
Camilla R. Pierri, Ricardo Voyceik, Aryel M. R. Oliveira and Roberto Tadeu Raitz. Representação Vetorial de Proteomas Mitocondriais
Camilla R. Pierri, Bruno Thiago L. Nichio, Letícia Graziela C. Santos, Ricardo Voyceik, Aryel M. R. Oliveira and Roberto Tadeu Raitz. Clusterização de Proteínas Mitocondriais utilizando o algoritmo RAFTS3groups
Bruno Nichio, Roberto Tadeu Raitz, Camilla Reginatto de Pierri and Aryel Marlus Repula de Oliveira. Rapid alignment free tool for sequences similarity search to groups(RAFTS3GROUPS®) – um software rápido de clusterização para Big Data
Isaque Katahira, Fábio Fernandes da Rocha Vicente, Fabrício Martins Lopes and Eric Augusto Ito. Redes complexas: uma ferramenta computacional para identificação de transcritos
Fabio Fernandes da Rocha Vicente and Johnny Jefferson. Redes Complexas - Integração do Gene Ontology e Expressões em GNs
Vanesca Priscila Camargo Rocha and Daniel Fernandes Pedro. Alinhamento das sequências dos marcadores moleculares microssatélites SSR com o genoma da mandioca ( <i>Manihot esculenta</i> )
Francismar Corrêa Marcelino-Guimaraes. Application of next-generation sequencing (NGS) technologies to gene discovery in soybean-pathogen interaction
Tharcisio Amorim and Alexandre Paschoal. Pipeline para a investigação de Target Mimic em regiões intergênicas em plantas
Miderson Andrei de Souza Santana, Fabrício Martins and Alexandre Paschoal. MaxEntropy – Uma Abordagem para Identificação de miRNAs
Daniel Longhi Fernandes Pedro, Nicolas Gil de Souza Aoki, Douglas Silva Domingues and Alexandre Rossi Paschoal. Métodos computacionais para investigar a relação de non-coding RNAs e elementos transponíveis em plantas.
Guilherme Camargo, Pedro H. Bugatti and Priscila Tiemi Maeda Saito. Aprendizado Ativo Semi-Supervisionado para Análise de Dados Biológicos
Douglas Pereira, Pedro Bugatti and Priscila Saito. Avaliação do Vigor de Sementes de Soja por meio de Técnicas de Aprendizado Ativo
Henrique Moura Dias, Thalyson Adolfo Storl, Gustavo Moura Dias, Gabriel Souza Da Silva, Victor Silva Lima and José Hernandes Lopes Filho. Contribuição de ferramentas computacionais na compreensão e solução de problemas em biociências
Hudson Pereira. Diagnóstico e classificação de severidade do Autismo em Crianças baseado em Deep Learning para analise de Micro-expressões Faciais espontâneas - CP