

<b>Professor Responsável</b>	<b>Título</b>	<b>Descrição dos Projetos Finais de Graduação</b>	<b>Individual/Equipe</b>
Alexandre Xavier Falcão	Análise de Imagem de Panículas de Arroz para fins de Fenotipagem em Larga Escala.	A perspectiva de que no ano 2050 teremos 9 bilhões de pessoas para alimentar no mundo tem colocado a fenotipagem automática de plantas como tópico fundamental de pesquisa e desenvolvimento tecnológico, visando aumentar a produtividade na agricultura através de estudos de associação genômica, melhoramento de plantas, e seleção preditiva. A análise de imagem viabiliza esta meta repondo algumas questões fundamentais para a Biologia. Este projeto visa a extensão das funcionalidades do software PANorama ( <a href="https://sourceforge.net/projects/panorama1/">https://sourceforge.net/projects/panorama1/</a> ), desenvolvido para fenotipagem de panículas de arroz, em pesquisa conjunta com o International Rice Research Institute ( <a href="http://irri.org/">http://irri.org/</a> ). O trabalho trará conhecimentos de processamento e análise de imagem que poderão ser explorados futuramente em uma dissertação de Mestrado.	Individual
Edson Borin	Um sistema para o gerenciamento de dispositivos IoT.	Estima-se que em 5 anos haverá mais de 20 bilhões de dispositivos conectados à Internet das Coisas (IoT). O gerenciamento, incluindo a instalação, configuração e monitoramento da saúde destes dispositivos será um desafio. Este projeto tem como objetivo o desenvolvimento e a implementação de um sistema na nuvem computacional para o gerenciamento de dispositivos IoT.	Individual
	Um sistema para o gerenciamento de edifícios inteligentes.	O monitoramento e análise do uso de recursos em edifícios inteligentes permitirá a redução dos custos de manutenção bem como a otimização do uso dos mesmos. Este projeto tem como objetivo o desenvolvimento de um sistema na nuvem computacional que permita o gerenciamento de edifícios inteligentes.	Individual
Esther Luna Colombini	Visão Computacional para time de Futebol de Robôs Humanoide.	Desenvolvimento de algoritmos para reconhecimento de bola, gol, linha, campo, adversários e outros objetos no âmbito do futebol de robôs humanoide da RoboCup.	Individual
	Localização e Mapeamento de Robôs Humanoides.	Desenvolvimento de algoritmos de localização e mapeamento para robôs humanoides no âmbito do futebol de robôs.	Individual
Flávio Keidi Miyazawa	Problemas de Corte e Empacotamento.	Os alunos deverão estudar algoritmos para problemas de empacotamento bidimensional em placas. Alguns alunos poderão investigar a versão de empacotamento em placas, outros em faixa, versões unidimensional, bidimensional, tridimensional ou multidimensional. Versões poderão ser de empacotamentos de itens retangulares, caixas ou mesmo irregulares. Direções de estudo poderá ser prática implementando e comparando os algoritmos mais promissores ou teórica, com estudo e desenvolvimento de algoritmos de aproximação, ou nas duas linhas. Os projetos poderão ser individuais ou em equipe.	Individual ou em Equipe
	Teoria dos Jogos em Problemas de Empacotamento.	Os alunos deverão estudar sobre teoria dos jogos e problemas de empacotamento, com mais interesse em aplicações de alocação de propagandas. Os problemas podem ser de uma, duas ou mais dimensões. Os projetos poderão ser individuais ou em equipe.	Individual ou em Equipe
	Problemas de Conectividade em Grafos.	Os alunos deverão estudar algoritmos para problemas de conectividade (como problemas de roteamento de veículos, árvores de Steiner, Facility Location ou outros na linha de network design) através de métodos de programação linear inteira e heurísticas. Os algoritmos mais promissores serão implementados e comparados. Os projetos poderão ser individuais ou em equipe.	Individual ou em Equipe

Professor Responsável	Título	Descrição dos Projetos Finais de Graduação	Individual/Equipe
Lucas Wanner	Qualidade de tempo.	Relógios confiáveis e precisos são fundamentais para a coleção e processamento distribuídos de massas de dados na Internet. A qualidade de tempo em computadores está sujeita a diversos fatores, desde os ressonadores que são a fonte física de sinais de tempo, passando pelo hardware, algoritmos e protocolos que gerenciam a sincronização de tempo, interfaces sistema operacional, até bibliotecas que exportam informação de tempo para aplicações. Cada uma destas camadas é suscetível a imprecisões e limitações devido por exemplo a variações de hardware, condições ambientais dinâmicas, perdas de rede, etc., resultando em problemas que afetam aplicações como desvios de fase, instabilidade de frequência, e offsets de tempo. Este projeto visa medir, estimar, e informar às aplicações as incertezas e custos operacionais (em termos de tempo de processamento, energia, e banda de rede) associadas às abstrações de tempo em sistemas operacionais em rede contemporâneos.	Individual
	Vida de Bateria.	Dado um dispositivo embarcado sem fios e uma aplicação de software, podemos prever o seu tempo de vida de bateria? O objetivo do projeto é construir modelos de consumo de energia levando em consideração estados de operação de hardware e periféricos em conjunto com atividades de software. O projeto pode ser direcionado tanto para dispositivos IoT quanto para smartphones usando o sistema operacional Android.	Individual
Luiz Eduardo Buzato	E-commerce: consistência forte versus consistência fraca	Há duas possibilidades para se construir sistemas distribuídos para e-commerce (Amazon, Facebook, Instagram, etc, etc): (a) utilizando replicação ativa com consistência forte e (b) empregando replicação primário-secundário com consistência fraca. Os defensores de (b) dizem que (a) é inerentemente caro (custo de comunicação, persistência, etc). Neste projeto, o aluno comparará de forma científica (experimental) implementações canônicas de (a) e (b) para tentar confirmar ou refutar as críticas usualmente realizadas a (a). O sistema (a) utilizará Paxos em sua implementação. O sistema (b) empregará um protocolo de hash distribuído, por exemplo o implementado por Dynamo (Amazon). Não será tarefa do aluno a implementação de (a) e (b), entretanto, ele se dedicará ao entendimento dos fundamentos (algoritmos, estruturas de dados, modelos computacionais) que apoiam a construção (a) e (b) e ao delineamento e execução de experimentos, à coleta e interpretação dos resultados obtidos.	Individual
Nelson Luis Saldanha da Fonseca	Simulação de redes de TV a Cabo (protocolo DOCSIS).	O projeto consiste em simulação de redes de TV a Cabo utilizando dados reais coletados nessas redes. Objetiva-se entender o comportamento das filas nos roteadores de rede.	Individual
	Distribuição de carga em nuvens.	O projeto visa utilizar modelo de otimização para distribuir tarefas em nuvens e em fogs.	Individual
Rodolfo Jardim de Azevedo	Desenvolvimento de aceleradores em FPGA.	Depois de processadores multicore e GPUs, a nova forma de ganhar desempenho é desenvolver hardware específico para determinadas atividades. Com o desenvolvimento de FPGAs fortemente acopladas a processadores, fica mais rápido o acesso ao hardware, que pode permitir melhor desempenho. Este projeto focará em desenvolver um módulo de hardware e sua interface para comunicação com processador.	Individual
	Desenvolvimento/Aprimoramento do Modelo de Processadores em ArchC.	ArchC é uma linguagem para descrição de processadores desenvolvida no Laboratório de Sistemas de Computação. No momento temos modelos de diversos processadores distintos como MIPS, SPARC, ARM, Power. Estamos interessados em incrementar nossa biblioteca de modelos. Este projeto é individual, um aluno deve desenvolver/aprimorar um modelo de processador. Temos vários processadores para escolha. Nosso primeiro interesse é no processador RISC-V	Individual

Professor Responsável	Título	Descrição dos Projetos Finais de Graduação	Individual/Equipe
Zanoni Dias	Heurísticas para Problemas de Rearranjo de Genomas.	Rearranjo de genomas é uma área de pesquisa interessada em investigar o parentesco entre organismos calculando o menor número de operações de rearranjo necessárias para transformar um genoma em outro. O objetivo deste projeto é a propor e implementar heurísticas para os problemas que ainda não possuem solução polinomial, como, por exemplo, os problemas de ordenação por reversões ou o problema de ordenação por transposições (ou variações de ambos).	Individual
	Classes de Permutações Facilmente Ordenáveis por Eventos de Rearranjo de Genomas.	Rearranjo de genomas é uma área de pesquisa interessada em investigar o parentesco entre organismos calculando o menor número de operações de rearranjo necessárias para transformar um genoma em outro. O objetivo deste projeto é determinar classes de permutações que podem ser ordenáveis em tempo polinomial usando eventos de rearranjo como transposições e reversões (ambos os problemas são NP-Difíceis para permutações genéricas).	Individual
	Heurísticas para o Problema de Reconstrução de Filogenias.	Uma das tarefas mais importantes de bioinformática é a reconstrução de filogenias, que tem como objetivo obter a melhor árvore que represente como os objetos biológicos (tipicamente espécies) evoluíram ao longo do tempo. Uma das formas de se obter uma filogenia é através de uma matriz de distância. Se esta matriz for perfeita (aditiva), então obter a melhor filogenia é simples. No entanto, na prática, é praticamente impossível obter uma matriz com tal característica e neste caso obter a melhor filogenia é um problema NP-Difícil. O objetivo deste projeto é construir e comparar heurísticas para a reconstrução de filogenias com matrizes não aditivas.	Individual
	Usando Aprendizado de Máquina para Computar Distância de Rearranjo de Genomas.	O objetivo deste projeto é usar técnicas de aprendizado de máquina para construir um programa capaz de computar a distância de rearranjo entre genomas (representados por permutações). Possuímos uma imensa base dados com as distâncias exatas entre bilhões de permutações pequenas ( $n \leq 13$ ). Desejamos usar esta base de dados para treinar o programa, de forma que ele possa inferir como computar a distância de rearranjo para permutações maiores ( $n \geq 100$ ).	Individual
	Distância de Rearranjo com Genes Repetidos.	A grande maioria dos resultados em rearranjo de genomas considera que os genomas a serem comparados não possuem genes repetidos. Com esta suposição é possível mapear os genomas em permutações. Na prática, muitos genomas possuem genes repetidos. Sendo assim, o objetivo deste trabalho é estudar e propor algoritmos (heurísticas) para problemas de rearranjos com genes repetidos. Neste projeto estaremos particularmente interessados em estudar problemas envolvendo reversões e/ou transposições.	Individual