



# Simão Coutinho de Albuquerque Neto

Endereço para acessar este CV: <http://lattes.cnpq.br/5795388722247436>

ID Lattes: **5795388722247436**

Última atualização do currículo em 21/07/2022

Bacharel em Engenharia Eletrônica e de Computação (Escola Politécnica/UFRJ, 2014), Mestre em Engenharia de Sistemas e Computação (COPPE/UFRJ, 2015) e Doutor em Engenharia de Sistemas e Computação (COPPE/UFRJ, 2018). Estagiou durante a graduação na área de Instrumentação Eletrônica, trabalhando no projeto, manutenção e calibração de equipamentos eletrônicos. Suas linhas de pesquisa durante o Mestrado e o Doutorado foram Biologia Matemática e Computacional e Física Biológica. (**Texto informado pelo autor**)

## Identificação

<b>Nome</b>	Simão Coutinho de Albuquerque Neto 
<b>Nome em citações bibliográficas</b>	ALBUQUERQUE NETO, S. C.;de Albuquerque Neto, S. C.;ALBUQUERQUE NETO, S. C. DE;DE ALBUQUERQUE NETO, S.C.;NETO, S. C. DE ALBUQUERQUE;de Albuquerque Neto, Simão C.
<b>Lattes iD</b>	 <a href="http://lattes.cnpq.br/5795388722247436">http://lattes.cnpq.br/5795388722247436</a>

## Endereço

## Formação acadêmica/titulação

<b>2015 - 2018</b>	Doutorado em Engenharia de Sistemas e Computação (Conceito CAPES 7). Universidade Federal do Rio de Janeiro, UFRJ, Brasil. Título: Medidas de Entropia Alternativas para Caracterização da Existência de Clãs em Famílias de Domínios de Proteínas, Ano de obtenção: 2018. Orientador: Rubem Pinto Mondaini. Bolsista do(a): Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, CAPES, Brasil.
<b>2013 - 2015</b>	Mestrado em Engenharia de Sistemas e Computação (Conceito CAPES 7). Universidade Federal do Rio de Janeiro, UFRJ, Brasil. Título: Métodos de Controle Ótimo dos Processos Dinâmicos do Enovelamento de Proteínas, Ano de Obtenção: 2015. Orientador: Rubem Pinto Mondaini.
<b>2006 - 2014</b>	Graduação em Engenharia Eletrônica e de Computação. Universidade Federal do Rio de Janeiro, UFRJ, Brasil. Título: SIMULAÇÃO DO SISTEMA CARDIOVASCULAR E CONTROLE DA FREQUÊNCIA CARDÍACA POR UM CIRCUITO ELÉTRICO EQUIVALENTE. Orientador: Heraldo Luis Silveira de Almeida / Marco Antonio von Krüger.

## Pós-doutorado

<b>2019</b>	Pós-Doutorado. Universidade Federal do Rio de Janeiro, UFRJ, Brasil. Grande área: Ciências Exatas e da Terra Grande Área: Ciências Exatas e da Terra / Área: Física / Subárea: Física Geral / Especialidade: Métodos Matemáticos da Física. Grande Área: Ciências Exatas e da Terra / Área: Probabilidade e Estatística / Subárea: Probabilidade e Estatística Aplicadas.
-------------	--

## Formação Complementar

## Atuação Profissional

---

### **Fundação Coordenação de Projetos, Pesquisas e Estudos Tecnológicos, COPPETEC, Brasil.**

#### **Vínculo institucional**

**2011 - 2011**

**Outras informações**

Vínculo: Bolsista, Enquadramento Funcional: Estagiário, Carga horária: 20  
Estagiário na área de Instrumentação do Laboratório de Traçadores (LT), do Programa de Engenharia Civil, UFRJ

### **Universidade Federal do Rio de Janeiro, UFRJ, Brasil.**

#### **Vínculo institucional**

**2019 - 2021**

#### **Vínculo institucional**

**2012 - 2015**

**Outras informações**

Vínculo: Servidor Público, Enquadramento Funcional: Professor Substituto, Carga horária: 20

Vínculo: Bolsista, Enquadramento Funcional: Estagiário  
Bolsista da FAU/UFRJ com orientação da TIC/UFRJ na área de projeto de Cabeamento Estruturado

#### **Vínculo institucional**

**2009 - 2011**

**Outras informações**

Vínculo: Bolsista, Enquadramento Funcional: Estagiário  
Bolsista da FAU/UFRJ com orientação da TIC/UFRJ na área de projeto de Cabeamento Estruturado

#### **Atividades**

**08/2019 - 06/2021**

Ensino, Ciências Biológicas: Modalidade Médica, Nível: Graduação  
Disciplinas ministradas  
Métodos Matemáticos em Biologia

## Áreas de atuação

---

1. Grande área: Ciências Exatas e da Terra / Área: Matemática / Subárea: Matemática Aplicada/Especialidade: Biomatemática.
2. Grande área: Ciências Exatas e da Terra / Área: Matemática / Subárea: Matemática Aplicada/Especialidade: Física Matemática.
3. Grande área: Engenharias / Área: Engenharia Biomédica / Subárea: Bioengenharia/Especialidade: Modelagem de Fenômenos Biológicos.
4. Grande área: Ciências Exatas e da Terra / Área: Probabilidade e Estatística / Subárea: Probabilidade e Estatística Aplicadas.
5. Grande área: Engenharias / Área: Engenharia Elétrica / Subárea: Eletrônica Industrial, Sistemas e Controles Eletrônicos/Especialidade: Controle de Processos Eletrônicos, Retroalimentação.
6. Grande área: Engenharias / Área: Engenharia Elétrica / Subárea: Medidas Elétricas, Magnéticas e Eletrônicas; Instrumentação/Especialidade: Instrumentação Eletrônica.

## Idiomas

---

**Inglês**

Compreende Bem, Fala Bem, Lê Bem, Escreve Bem.

**Espanhol**

Compreende Pouco, Fala Pouco, Lê Razoavelmente, Escreve Pouco.

**Português**

Compreende Bem, Fala Bem, Lê Bem, Escreve Bem.

## Produções

---

### **Produção bibliográfica**

### **Artigos completos publicados em periódicos**

Ordenar por

Ordem Cronológica



1. Mondaini, Rubem P. ; **de Albuquerque Neto, Simão C.** . Essential Conditions for the Full Synergy of Probability of Occurrence Distributions. Entropy **JCR**, v. 24, p. 993, 2022.

2. Mondaini, Rubem P. ; **de Albuquerque Neto, Simão C.** . Alternative Entropy Measures and Generalized Khinchin-Shannon Inequalities. *Entropy JCR*, v. 23, p. 1618, 2021.
- Citações: [WEB OF SCIENCE](#) 1
3. MONDAINI, R. P. ; **ALBUQUERQUE NETO, S. C. DE** . Revisiting the Evaluation of a Multidimensional Gaussian Integral. *JOURNAL OF APPLIED MATHEMATICS AND PHYSICS*, v. 05, p. 449-452, 2017.

## Capítulos de livros publicados

1. Mondaini, Rubem P. ; **de Albuquerque Neto, Simão C.** . A Jaccard-Like Symbol and Its Usefulness in the Derivation of Amino Acid Distributions in Protein Domain Families. *Trends in Biomathematics: Chaos and Control in Epidemics, Ecosystems, and Cells*. 1ed. Cham: Springer Nature, 2021, v. 1, p. 201-220.
2. MONDAINI, R. P. ; **de Albuquerque Neto, S. C.** . The Statistical Analysis of Protein Domain Family Distributions via Jaccard Entropy Measures. *Trends in Biomathematics: Modeling Cells, Flows, Epidemics, and the Environment*. 1ed.: Springer International Publishing, 2020, v. , p. 169-207.
3. Mondaini, Rubem P. ; **de Albuquerque Neto, Simão C.** . Towards a Thermostatistics of the Evolution of Protein Domains Through the Formation of Families and Clans. *Trends in Biomathematics: Mathematical Modeling for Health, Harvesting, and Population Dynamics*. 1ed.: Springer International Publishing, 2019, v. , p. 139-152.
4. Mondaini, Rubem P. ; **de Albuquerque Neto, Simão C.** . Khinchin-Shannon Generalized Inequalities for Non-additive Entropy Measures. *Trends in Biomathematics: Mathematical Modeling for Health, Harvesting, and Population Dynamics*. 1ed.: Springer International Publishing, 2019, v. , p. 177-190.
5. MONDAINI, R. P. ; **de Albuquerque Neto, S. C.** . Stochastic Assessment of Protein Databases by Generalized Entropy Measures. *Trends in Biomathematics: Modeling, Optimization and Computational Problems*. 1ed.: Springer International Publishing, 2018, v. , p. 91-105.
6. MONDAINI, R. P. ; **de Albuquerque Neto, S. C.** . THE PATTERN RECOGNITION OF PROBABILITY DISTRIBUTIONS OF AMINO ACIDS IN PROTEIN FAMILIES. *Mathematical Biology and Biological Physics*. 1ed.: WORLD SCIENTIFIC, 2017, v. , p. 29-50.
7. MONDAINI, R. P. ; **de Albuquerque Neto, S. C.** . Pattern recognition of amino acids via a Poisson statistical approach. *Physical and Mathematical Aspects of Symmetries*. 1ed.: Springer International Publishing, 2017, v. , p. 263-270.

## Trabalhos completos publicados em anais de congressos

1. MONDAINI, R. P. ; **NETO, S. C. DE ALBUQUERQUE** . ENTROPY MEASURES AND THE STATISTICAL ANALYSIS OF PROTEIN FAMILY CLASSIFICATION. In: 15th International Symposium on Mathematical and Computational Biology, 2016, Roorkee. BIOMAT 2015, 2015. p. 192.
2. MONDAINI, R.P. ; **DE ALBUQUERQUE NETO, S.C.** . OPTIMAL CONTROL OF A COARSE-GRAINED MODEL FOR PROTEIN DYNAMICS. In: International Symposium on Mathematical and Computational Biology, 2015, Poznan. BIOMAT 2014, 2014. p. 11.

## Apresentações de Trabalho

1. Mondaini, Rubem P. ; **de Albuquerque Neto, Simão C.** . Generalized Khinchin-Shannon Inequalities and the Identification of Protein Domain Families via Jaccard-type Symbols - Part II. 2021. (Apresentação de Trabalho/Simpósio).
2. MONDAINI, R. P. ; **DE ALBUQUERQUE NETO, S.C.** . A Jaccard-Like Symbol and its Usefulness on the Derivation of Amino Acid Distributions in Protein Domain Families. 2020. (Apresentação de Trabalho/Simpósio).
3. MONDAINI, R. P. ; **DE ALBUQUERQUE NETO, S.C.** . ANOVA Statistical Analysis of the Association of Protein Domain Families into Clans. 2019. (Apresentação de Trabalho/Simpósio).
4. MONDAINI, R.P. ; **DE ALBUQUERQUE NETO, S.C.** . Alternative Entropy Measures for the Characterization of the Existence of Clans in Protein Domain Families. 2018. (Apresentação de Trabalho/Simpósio).
5. MONDAINI, R.P. ; **DE ALBUQUERQUE NETO, S.C.** . The ANOVA Statistics of Protein Databases via Entropy Measures. 2017. (Apresentação de Trabalho/Simpósio).
6. MONDAINI, R.P. ; **DE ALBUQUERQUE NETO, S.C.** . The Pattern Recognition of Probability Distributions of Amino Acids in Protein Families. The Saddle-Point Approximation. 2016. (Apresentação de Trabalho/Simpósio).

## Eventos

---

### Participação em eventos, congressos, exposições e feiras

1. BIOMAT 2021 - 21st International Symposium on Mathematical and Computational Biology. Generalized Khinchin-Shannon Inequalities and the Identification of Protein Domain Families via Jaccard-type Symbols - Part II.. 2021. (Simpósio).
2. BIOMAT 2020 - 20th International Symposium on Mathematical and Computational Biology. A Jaccard-Like Symbol and its Usefulness on the Derivation of Amino Acid Distributions in Protein Domain Families.. 2020. (Simpósio).
3. BIOMAT 2019 - 19th International Symposium on Mathematical and Computational Biology. ANOVA Statistical Analysis of the Association of Protein Domain Families into Clans.. 2019. (Simpósio).
4. BIOMAT 2018 - 18th International Symposium on Mathematical and Computational Biology. Alternative Entropy Measures for the Characterization of the Existence of Clans in Protein Domain Families.. 2018. (Simpósio).

5. 31º Colóquio Brasileiro de Matemática. 2017. (Outra).
6. BIOMAT 2017 - 17th International Symposium on Mathematical and Computational Biology. The ANOVA Statistics of Protein Databases via Entropy Measures.. 2017. (Simpósio).
7. 31st International Colloquium on Group Theoretical Methods in Physics. Pattern Recognition of Amino Acids by a Poisson Statistical Approach. 2016. (Outra).
8. BIOMAT 2016 - 16th International Symposium on Mathematical and Computational Biology. The Pattern Recognition of Probability Distributions of Amino Acids in Protein Families. The Saddle-Point Approximation.. 2016. (Simpósio).
9. VIII Semana de Eletrônica e de Computação. 2012. (Outra).
10. VII Semana de Eletrônica e de Computação. 2011. (Outra).
11. VI Semana de Eletrônica e de Computação. 2010. (Outra).
12. IEEE Circuits and Systems Workshop on Image Sensors ? Sensores CMOS inteligentes. 2009. (Seminário).
13. V Semana de Eletrônica e de Computação. 2008. (Outra).
14. III Semana de Eletrônica e de Computação. 2006. (Outra).