

## Notas Técnicas - Bioinformática

Prof. Dr. Gilderlanio Santana de Araújo  
gilderlanio@gmail.com

12 de setembro de 2023



---

## Conteúdo

---

<b>1</b>	<b>GitHub</b>	<b>5</b>
1.1	Iniciando com o Git . . . . .	5
1.2	Criar uma conta . . . . .	5
1.3	Criando um repositório . . . . .	6
1.4	Clonando um repositório . . . . .	6
1.5	Efetuando alterações e <i>commits</i> . . . . .	6
1.6	Enviando alterações para o GitHub . . . . .	7
1.7	Alternando entre <i>branches</i> . . . . .	7
<b>2</b>	<b>Relatório de pesquisa</b>	<b>9</b>
2.1	Título . . . . .	9
2.2	Resumo (Abstract) . . . . .	9
2.3	Introdução . . . . .	10
2.4	Metodologia . . . . .	10
2.5	Resultados . . . . .	11
2.6	Discussão . . . . .	11
2.7	Conclusão . . . . .	12
2.8	Referências . . . . .	12



# CAPÍTULO 1

---

GitHub

---

## 1.1 Iniciando com o Git

O GitHub é uma plataforma web que oferece recursos de controle de versão de forma colaborativa para projetos de desenvolvimento de software. Ele permite que desenvolvedores trabalhem em projetos individualmente ou em equipe, acompanhem as alterações no código e gerenciem repositórios de projetos.

Esta tutorial é apenas uma visão geral básica das funcionalidades do GitHub. Existem muitos recursos e conceitos avançados para explorar, como colaboração com outras pessoas, gerenciamento de problemas e uso do GitHub Pages para hospedar sites. Recomendo que você explore a documentação oficial do GitHub e outros recursos para se aprofundar na plataforma.

## 1.2 Criar uma conta

- Acesse o site do GitHub (<https://github.com>) e cadastre-se para obter uma conta gratuita.
- Escolha um nome de usuário, insira seu endereço de e-mail e defina uma senha forte.

### 1.3 Criando um repositório

- Após fazer login em sua conta, clique no botão "New" na página principal para criar um novo repositório.
- Dê um nome ao seu repositório, uma breve descrição e escolha se deve ser público ou privado. Geralmente o nome do repositório é o nome do teu projeto pra que fique mais intuitivo.
- Para descrever teu projeto, você também pode inicializar o repositório com um arquivo README.md, que serve como a página principal do seu projeto. Este arquivo suporta codificação por

### 1.4 Clonando um repositório

- Se o repositório já existe, você pode cloná-lo em sua máquina local;
- Na página do repositório no GitHub, clique no botão "Code";
- Copie a URL do repositório (com final .git), abra o terminal ou prompt de comando e execute o seguinte comando:

```
git clone url-do-repositorio
```

- O comando fará o download de uma cópia do repositório em sua máquina local.

### 1.5 Efetuando alterações e *commits*

- Depois de ter o repositório em sua máquina local, você pode fazer alterações nos diretórios e nos arquivos.
- Modificações, inserções e exclusão de arquivos pode ser feito usando o seu editor de texto padrão ou a sua IDE (Pycharm, Jupiter, Eclipse, Netbeans) preferida.
- Após ter realizado alterações, você deve efetuar o commit delas.
- Abra o terminal, navegue até o repositório local e execute os seguintes comandos:

```
git add .
```

```
git commit -m "Deixe uma mensagem clara de suas alterações aqui"
```

## 1.6 Enviando alterações para o GitHub

- Após efetuar o commit de suas alterações na máquina local, é necessário enviar para o GitHub
- As alterações são enviadas com o seguinte comando:

```
git push origin nome-do-branch
```

- O comando enviará suas alterações para o repositório do GitHub.

## 1.7 Alternando entre *branches*

O gerenciamento de branches permite que você trabalhe em novos recursos do seu software e correções de erros sem afetar o código principal (main).

Para criar um novo branch, execute o seguinte comando:

```
git branch nome-do-branch
```

Para alternar entre branches:

```
git checkout nome-do-branch
```

Após realizar alterações no novo branch, faça commit e envie-as. Para mesclar suas alterações no código principal, você pode abrir um *pull request* no GitHub. Acesse a página web do repositório, clique na aba "Pull requests" e depois no botão "New pull request". Selecione o branch base (normalmente "main") e o branch com suas alterações. Sempre forneça uma breve descrição. Revise as alterações e clique em "Create pull request".





## CAPÍTULO 2

---

### Relatório de pesquisa

---

A escrita de um relatório de bioinformática envolve uma série de etapas importantes para comunicar claramente suas hipóteses, análises e resultados. O relatório deve ser transparente e documentado o suficiente para que outros pesquisadores possam entender suas análises e resultados. Certifique-se de revisar e editar cuidadosamente o relatório para garantir clareza, precisão e coesão.

#### 2.1 Título

Comece o relatório com um título claro e informativo que descreva o conteúdo do relatório. Inclua também informações dos autores e institutos a qual os autores são afiliados institucionalmente e a data em que o relatório está sendo produzido. Se houver um template para a instituição obedeça as regras do template.

#### 2.2 Resumo (Abstract)

:

Escreva um resumo conciso que destaque o objetivo da análise, os dados e as bases de dados analisadas, os principais métodos aplicados e os resultados mais relevantes. O resumo deve ser uma breve visão geral do relatório completo.

## 2.3 Introdução

Nesta seção, introduza o contexto do problema que está sendo abordado. Explique brevemente os conceitos básicos e fundamentais sobre os elementos biológicos, sistemas biológicos, processos ou mecanismos e a importância do estudo. Defina em termos técnicos para garantir que os leitores compreendam o que será discutido.

## 2.4 Metodologia

Detalhe as etapas metodológicas que você realizou. Explique as bases de dados, ferramentas de bioinformática que você usou, os parâmetros de configuração e os métodos de análise. Seja preciso e claro para que outros pesquisadores possam reproduzir suas análises com princípios FAIR.

A abordagem FAIR refere-se a um conjunto de princípios destinados a melhorar a acessibilidade e a reusabilidade de dados científicos. A sigla "FAIR" significa:

- Findable (Encontrável): Os dados devem ser facilmente encontrados programaticamente. Isso envolve a atribuição de identificadores únicos persistentes, como DOIs (Digital Object Identifiers) e o uso de metadados claros e descritivos.
- Accessible (Acessível): Os dados devem ser acessíveis para qualquer pessoa que tenha o direito de acessá-los, independentemente de barreiras tecnológicas ou legais. Isso pode ser alcançado por meio da definição de políticas claras de acesso e do uso de padrões abertos para formatos de dados.
- Interoperable (Interoperável): Os dados devem ser estruturados de forma que possam ser integrados e combinados com outros dados. Isso envolve o uso de padrões e formatos bem definidos e amplamente aceitos, bem como a adoção de ontologias ou vocabulários controlados para garantir a compatibilidade semântica.
- Reusable (Reutilizável): Os dados devem ser preparados e documentados de maneira a permitir sua reutilização eficaz. Isso inclui fornecer informações suficientes sobre os métodos de coleta de dados, a estrutura dos dados e as limitações, para que outros possam entender e aplicar os dados de maneira adequada.

Divida a seção de metodologia em subseções para cada etapa ou técnica que você usou. Isso tornará o texto mais organizado e fácil de seguir.

Explique como você pré-processou e tratou os dados brutos. Isso pode incluir etapas como remoção de sequências de baixa qualidade, filtragem de ruídos e normalização. Se você usou bancos de dados públicos, referências genômicas ou outras fontes de dados, mencione quais foram utilizadas e como você as acessou e extraiu dados.

Cite as ferramentas de bioinformática, softwares e bibliotecas que você usou para cada etapa. Forneça os nomes, versões e, se possível, links para onde essas ferramentas podem ser obtidas.

Especifique os parâmetros e configurações que você usou para cada ferramenta ou software. Isso é importante para garantir que os resultados possam ser reproduzidos exatamente da mesma maneira.

Se for apropriado, use fluxogramas, diagramas ou gráficos para ilustrar visualmente todas as etapas dos métodos que você seguiu. Isso pode tornar mais fácil para os leitores entenderem o fluxo das análises.

## 2.5 Resultados

Apresente os resultados de suas análises de forma clara e organizada. Use tabelas, gráficos e visualizações relevantes para ilustrar os pontos-chave de sua pesquisa. Descreva os padrões observados e qualquer tendência de dados significativa que você identificou durante as análises.

## 2.6 Discussão

Interprete os resultados obtidos. Explique como os resultados se relacionam com os objetivos do estudo e como a literatura existente. No caso da bioinformática, dê sempre prioridade a artigos de fator de impacto alto, publicado nos últimos cinco anos e nas principais revistas. Discuta possíveis implicações biológicas e faça conexões entre os achados, seus métodos e possíveis limitações do seu estudo.

## 2.7 Conclusão

Resuma os principais pontos da discussão e destaque as descobertas mais importantes. Uma boa conclusão indica se os objetivos foram alcançados e os principais achados são discutidos com quaisquer limitações ou aspectos que mereçam atenção adicional.

## 2.8 Referências

Liste todas as fontes, artigos, bancos de dados e ferramentas de software que você utilizou. Siga um formato de citação padrão, como **ABNT**, **APA**, **MLA** ou o que for apropriado para a sua área. Use o **bibtex** para fazer referências caso esteja utilizando LaTeX, ou um gerenciador de referências como **Zotero** e **Mendeley** para o MS Word.