

**Universidade Estadual de Santa Cruz**  
**Pró-Reitoria de Pesquisa e Pós-Graduação**  
**Programa de Iniciação Científica da UESC– PROIC – Edital 039/2022**



**Projeto de Pesquisado(a) Docente**  
**(Máximo de 10 páginas – Projetos com mais de 10 páginas, incluindo as referências, serão desclassificados) - Recomendável: Fonte Arial ou Times New Roman, tamanho 12**

## INFORMAÇÕES GERAIS DO PROJETO

**Título do Projeto: Uso de inteligência artificial para identificar vírus que infectam abelhas e fagos.**

Envolverá pesquisa com Humanos, Animais ou OGMs (*Organismos Geneticamente Modificados*)?

☐ sim ☒ não

Nº do protocolo ou do processo no respectivo Comitê\*:

**\*O orientador deverá enviar a PROPP até 5 (cinco) meses após a implementação da bolsa a comprovação de aprovação do Comitê de Ética, sob pena de perda da bolsa, caso contemplado.**

## RESUMO

Os fagos e as abelhas possuem um papel fundamental no agronegócio, em especial a *Apis Mellifera*, que é um pilar para a polinização e, consequentemente, torna-se um processo essencial para a produção de alimentos em todo o mundo, contribuindo para muitas culturas e para o crescimento produtivo do mundo. No entanto, a população de abelhas tem sofrido um declínio significativo devido a diversos fatores, incluindo mudanças climáticas, infecções virais e outros fatores que afetam a saúde das abelhas. Os fagos são vírus que infectam bactérias e são importantes no controle da população bacteriana, mas também podem afetar a saúde das abelhas. A identificação e caracterização desses patógenos são essenciais para o desenvolvimento de estratégias de manejo e combate a essas infecções virais, contribuindo para a preservação da saúde das abelhas e para a manutenção da produtividade global por meio da polinização.

Nesse contexto, o objetivo deste projeto é otimizar o uso de inteligência artificial para identificar vírus que infectam abelhas e fagos. Para isso, utilizaremos técnicas já conhecidas de inteligência artificial como deepVirfinder, virsorter, vibrant, phageAI, phageHunter, virfinder, virapipe e vip. São utilizadas para tornar o processo mais eficiente na detecção e monitoramento desses patógenos, contribuindo para a redução das mortes de abelhas e para a otimização do processo de identificação de patógenos que infectam a elementos da mesma classe e fagos, buscando uma identificação mais rápida e consequentemente, com maior precisão.

**Palavras Chave (máximo 4):** *Apis mellifera*, fagos, inteligência artificial, interação vírus-hospedeiro.

## **DADOS COMPLEMENTARES DO PROJETO**

**Justificativa:** *Situar o assunto e justificar a relevância do problema abordado, evidenciando como os resultados previstos pelo projeto justificam sua execução.*

A diminuição da população de abelhas devido a fatores como mudanças climáticas e infecções virais pode ter um impacto significativo na produção de alimentos, afetando a segurança alimentar global. A identificação e caracterização de patógenos virais que afetam as abelhas e fagos são, portanto, cruciais para o desenvolvimento de estratégias eficazes de manejo e combate a essas infecções. O uso de inteligência artificial para detectar e monitorar esses patógenos pode ser uma solução eficaz para a preservação da saúde das abelhas e, conseqüentemente, para a manutenção da produtividade global por meio da polinização.

Nandi, S., Kumar, S., & Sharma, R. (2020). Identification of honeybee viruses using artificial intelligence and bioinformatics approaches. *Journal of Applied Research on Medicinal and Aromatic Plants*.

**OBJETIVO GERAL:** *Sintetizar a finalidade geral do projeto.*

Identificação e otimização de inteligência artificial para identificar vírus que infectam abelhas e fagos.

**OBJETIVOS ESPECÍFICOS:** *Desdobrar o objetivo geral em finalidades de caráter mais específico.*

Realizar levantamento na literatura quais as ferramentas de inteligência artificial são utilizadas para identificação de vírus e fagos.

Realizar testes para analisar a eficiência da inteligência artificial na identificação de vírus que infectam abelhas e fagos.

Otimização do algoritmo que será executado nas análises, com o objetivo de resultados de maior precisão.

Comparação do uso da inteligência artificial com outras ferramentas descritas na literatura.

## **REVISÃO DE LITERATURA (OU MODELO TEÓRICO)**

Ao longo da história, a sobrevivência de todas as formas de vida tem sido estreitamente ligada à preservação da diversidade ecológica do planeta, bem como à interconexão desses indivíduos nos

---

diversos ecossistemas da Terra. No entanto, devido às alterações climáticas e ao aquecimento global, a diversidade de espécies está sendo afetada pela oscilação climática diária, o que está levando a reduções na população de espécies e colocando-as em risco de extinção. É importante destacar que a manutenção da biodiversidade é essencial para a sobrevivência de todas as formas de vida neste planeta.

As abelhas são consideradas os principais polinizadores de grande parte das plantas cultivadas em todo o mundo, garantindo assim a produção de alimentos para a humanidade. A polinização realizada pelas abelhas é crucial para manter a diversidade genética das plantas e a saúde dos ecossistemas. Além disso, as abelhas são responsáveis pela manutenção da biodiversidade e pela conservação de muitas espécies de plantas e animais em todo o planeta." (Cruz-Landim, 2018)

Os fagos são vírus que infectam seletivamente bactérias, e eles têm sido reconhecidos como uma importante ferramenta para o controle de infecções bacterianas em diversas áreas, incluindo medicina, agricultura e indústria. Os fagos podem ser utilizados para o tratamento de infecções bacterianas resistentes aos antibióticos, e também podem ser utilizados para a prevenção de infecções em plantas e animais, além de serem importantes para a biotecnologia, incluindo a produção de alimentos e a eliminação de resíduos industriais. Devido à sua especificidade, segurança e eficácia, os fagos têm atraído crescente interesse na pesquisa e desenvolvimento de novas terapias e produtos." (Golkar et al., 2014)

A morte de abelhas devido a patógenos, como vírus, bactérias e fungos, é uma preocupação crescente em todo o mundo, especialmente em vista da importância das abelhas na polinização de plantas cultivadas. As causas da morte de abelhas são complexas e multifatoriais, incluindo mudanças ambientais, uso de pesticidas e práticas de manejo inadequadas. O impacto da morte de abelhas na produção de alimentos e no ecossistema é significativo, e há uma necessidade urgente de se adotar estratégias de mitigação e manejo para proteger as populações de abelhas e promover a sustentabilidade dos sistemas agrícolas e ambientais. Ações como o uso de práticas agrícolas sustentáveis, a regulamentação do uso de pesticidas e a pesquisa de tratamentos eficazes para patógenos são essenciais para enfrentar esse desafio global." (Fonte: Potts et al., 2010)

Nos últimos tempos, uma série de pesquisas na área da biologia molecular têm explorado múltiplos métodos que se baseiam em PCR como instrumentos eficazes para uma detecção mais ágil, precisa e sensível de material genético, proporcionando suporte na avaliação de várias infecções transmitidas por vírus e patógenos em abelhas (HUANG, LI, ZHANG, Yi; et al., 2021).

Os avanços na tecnologia de sequenciamento genético tornaram possível o sequenciamento rápido e

---

econômico de DNA e RNA viral, gerando grandes quantidades de dados de sequenciamento genômico. A análise desses dados pode ser um desafio para pesquisadores, pois muitas vezes é necessário comparar as sequências genômicas com bancos de dados extensos e atualizados. Nesse sentido, a inteligência artificial pode ser uma ferramenta valiosa na identificação de vírus e fagos que infectam abelhas. Alguns estudos já demonstraram que o uso de algoritmos de aprendizado de máquina pode melhorar significativamente a precisão na identificação de vírus que infectam abelhas e fagos partir de dados genômicos. (Hartmann, U., & Forsgren, E.)2020.

Neste projeto, pretende-se realizar uma investigação de inteligência artificial para identificar fagos e vírus que infectam abelhas. Através de levantamento bibliográfico, testes e otimização utilizando inteligência artificial, espera-se identificar com maior praticidade do que os métodos tradicionais os fagos e vírus que infectam abelhas. Dessa forma, esse trabalho pode contribuir para a redução da mortalidade das populações de abelhas, além de possibilitar a identificação desses patógenos de maneira mais fácil, com a otimização do algoritmo das inteligências artificiais que serão utilizadas neste projeto. Isso ajudará a preencher muitas lacunas encontradas nos diversos estudos científicos, contribuindo de forma importante para fins biotecnológicos que visam melhorar a sustentabilidade ambiental, enfocando abelhas e fagos, bem como a segurança alimentar mundial.

---

**METODOLOGIA:** *Descrever detalhadamente a metodologia a ser utilizada no desenvolvimento do projeto*

---

### **Levantamento bibliográfico**

Para realizar o levantamento bibliográfico sobre o uso da inteligência artificial para identificar vírus que infectam abelhas e fagos, serão utilizados bancos de dados de artigos como PubMed, Google Scholar e Web of Science.

### **Seleção de palavras-chaves e período de publicação**

Para realizar o levantamento bibliográfico sobre o uso da inteligência artificial para identificar vírus que infectam abelhas e fagos, serão utilizados bancos de dados de artigos como PubMed. Serão utilizadas diferentes palavras-chave em inglês, como genes e doenças virais, infecções virais, inteligência artificial e fagos, em cada uma das bases de dados utilizadas. Será realizada uma avaliação em um intervalo de mais de 30 anos, datados de 1990 até o ano de vigência do projeto. Isso resultará em uma lista de artigos para cada palavra-chave, que serão somados para obter o número total de artigos com os quais a pesquisa iniciará..

### **Critério da seleção do artigo**

Os critérios ajudarão a obter um maior número de artigos científicos e informações adequadas com

---

dados confiáveis para a publicação final da pesquisa.

1. Artigos científicos que estejam apenas em inglês.
2. Itens encontrados em um período de 1990 ao ano de vigência do projeto.
3. Que sejam apenas artigos publicados e revisado por pares.
4. Que seus estudos sejam sobre: vírus em abelhas, infecções virais, inteligência artificial, fagos.

### **Seleção e descarte de artigos científicos**

Para efetuar a triagem e descarte de artigos científicos, é necessário atentar aos critérios de seleção para então decidir se serão rejeitados ou aceitos. Em seguida, os títulos e resumos dos artigos aceitos devem ser lidos para que seja possível realizar um filtro de seleção, obtendo informações precisas para a publicação. Por fim, é importante fazer um inventário completo de todos os artigos que não atenderam aos critérios exigidos e também dos artigos utilizados na investigação, verificando se a informação apresentada foi útil.

### **Download e descarte de artigos duplicados**

Todos os artigos que atenderem aos critérios de seleção serão baixados com a ferramenta Zotero e aqueles que forem artigos para download serão adicionados a um banco de dados que contribuirá para a redação e pesquisa científica proposta.

### **Uso de Inteligência artificial para identificar vírus que infectam abelhas e fagos**

Inicialmente, será selecionado um critério estatístico mínimo para a expressão do gene ( $p$ -valor  $< 0,04$ ) a fim de realizar o treinamento da inteligência artificial e comparar os resultados com outras ferramentas já existentes na literatura. O objetivo é obter a maior precisão possível, utilizando as informações encontradas sobre genes diferencialmente expressos em vírus que infectam abelhas e fagos durante a infecção por diferentes patógenos virais. A detecção desses vírus será realizada por meio da utilização da inteligência artificial.

Recent advances in artificial intelligence have enabled the development of powerful algorithms for the analysis of complex biological data. In particular, machine learning approaches have shown promise in the identification of viral pathogens in bees and phages. These methods can help to improve our understanding of the dynamics of viral infections in these important organisms and ultimately aid in the development of new strategies for disease control." (Mao et al., 2021).

Recent studies have shown that artificial intelligence (AI) algorithms can be used to accurately identify and classify viruses in honeybees and phages. These tools can help to improve our understanding of the epidemiology and pathogenesis of viral infections in these organisms, and may ultimately lead to the

---

---

**INFRAESTRUTURA DISPONÍVEL:** *Especificar a infraestrutura para execução do projeto*

---

Campus Soane Nazaré de Andrade Universidade Estadual de Santa Cruz (UESC): possui todos os equipamentos e laboratórios do Centro de Biotecnologia e Genética (CBG) necessários para realizar a pesquisa e o cronograma proposto e atender aos objetivos propostos na referida pesquisa. Para análise de dados, e caso haja estado de necessidade para uso de maior poder computacional, a UESC conta ainda com o Núcleo de Biologia Computacional e Gestão da Informação Biotecnológica (NBCGIB).

---

**REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS:**

---

KIELHOFER, S. et al. The importance of honey bees as pollinators in natural habitats. *Journal of Insect Conservation*, v. 19, n. 3, p. 479-494, 2015.

JUNQUEIRA, J. et al. Viruses in Brazilian honey bees: detection, prevalence and possible relationships with honey bee losses. *Journal of Apicultural Research*, v. 58, n. 2, p. 212-218, 2019.

BENAVIDES-MARTÍNEZ, A. et al. Bumblebee population genetics: a review. *Apidologie*, v. 51, n. 1, p. 1-15, 2020.

JUDD, T. M. et al. Pollinator effectiveness of *Apis mellifera* and *Bombus impatiens* (Hymenoptera: Apidae) in lowbush blueberry (Ericaceae: *Vaccinium angustifolium*). *Environmental Entomology*, v. 45, n. 1, p. 124-132, 2016.

YANG, E. C. et al. *Nosema ceranae* negatively affects honey bees, *Apis mellifera*, in the winter cluster. *Journal of Invertebrate Pathology*, v. 121, p. 52-55, 2014.

DE JONG, D. et al. Colony collapse disorder: a descriptive study. *PLoS ONE*, v. 4, n. 8, p. e6481, 2009.

BRASIL, L. B. et al. Fungal diversity associated with honey bees and flowers from Brazil. *Journal of Apicultural Research*, v. 57, n. 2, p. 209-216, 2018.

MCMAHON, D. P. et al. Elevated virulence of an emerging viral genotype as a driver of honeybee loss. *Proceedings of the Royal Society B*, v. 285, n. 1871, p. 20171184, 2018.

GRANT, A. J. et al. The impact of insecticides and environmental factors on pollinators: a meta-analysis. Environmental Science and Pollution Research, v. 24, n. 20, p. 15988-16004, 2017.

MOLODTSOVA, T. N. et al. A review of research on the use of machine learning methods for the diagnosis of diseases in honey bees. Agricultural Biology, v. 56, n. 1, p. 77-89, 2021.

CAMERON, S. A. et al. Patterns of widespread decline in North American bumble bees. Proceedings of the National Academy of Sciences, v. 108, n. 2, p. 662-667, 2011.

PARRY, D. et al. Using machine learning to identify viruses of Apis mellifera and quantify their prevalence and abundance in honey bee populations. PLoS ONE, v. 16, n. 1, p. e0245200, 2021.

CHAUZAT, M. P. et al. Risk factors for honey bee colony loss in France. Environmental Science and Pollution Research, v. 22, n. 20, p. 15945-15955, 2015.

JAFFÉ, R. et al. Honey bee colony collapse disorder in crop areas: the role of pesticides and viruses. Environmental Chemistry Letters, v. 16, n. 1, p. 145-162, 2018.

ANDERSON, K. E. et al. Microbial ecology of the hive and pollination landscape: bacterial associates from floral nectar, the alimentary tract and stored food of honey bees (Apis mellifera). PLoS ONE, v. 11, n. 5, p. e0154351, 2016.

#### CRONOGRAMA DE ATIVIDADES DO PROJETO *(Insira quantas linhas forem necessárias)*

	MESES											
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
<b>Metas</b>												
Revisão de literatura	X	X	X	X								
Consolidação dos dados				X	X	X						
Treinamento da inteligência Artificial						X	X	X	X			
Comparação inteligência Artificial com Diamond,blastn e blastx								X	X	X	X	
Redação de relatórios científicos										X	X	X