

# UNIVERSIDADE DO ESTADO DA BAHIA DEPARTAMENTO DE CIÊNCIAS EXATAS E DA TERRA CURSO DE GRADUAÇÃO EM SISTEMAS DE INFORMAÇÃO

## **MAURICIO SOUZA MENEZES**

# FERRAMENTA COMPUTACIONAL PARA O ESTUDO DA EVOLUÇÃO DE ESPÉCIES BASEADO NO USO DE CÓDONS

## MAURICIO SOUZA MENEZES

# FERRAMENTA COMPUTACIONAL PARA O ESTUDO DA EVOLUÇÃO DE ESPÉCIES BASEADO NO USO DE CÓDONS

Monografia apresentada ao curso de Sistemas de Informação do Departamento de Ciências Exatas e da Terra da Universidade do Estado da Bahia - UNEB, como requisito parcial à obtenção do grau de bacharel em Sistemas de Informação. Área de Concentração: Ciência da Computação

Orientador: PhD Diego Gervasio Frias

Suárez

Co-Orientador: PhD Vagner Fonseca

# Termo de Anuência do Orientador

Declaro para os devidos fins que li e revisei este trabalho e atesto sua qualidade como resultado parcial desta monografia. Confirmo que o referencial teórico apresentado é completo e suficiente para fundamentar os objetivos propostos e que o início da modelagem ou desenvolvimento da solução proposta está apresentado neste texto com plano de validação completo, incluindo métricas e indicadores, revisado e atualizado. Atesto que este trabalho está apto a ser apresentado na pré-banca final da disciplina Trabalho de Conclusão de Curso I.

PhD Diego Gervasio Frias Suárez

## **AGRADECIMENTOS**

Agradeço a Deus pela vida e por me guiar nos caminhos certos; Agradeço aos meus pais, Mauricio Porto e Miriam Souza, pela criação e por todo o apoio que me deram; Agradeço também ao meu irmão (mesmo sem merecer...); Agradeço a minha namorada, Yasmim Arrais, por todas as conversas e momentos em que me tranquilizou; Agradeço ao meu orientador, Diego Frias, por toda a paciência e atenção dada. Agradeço ao meu amigo, Alexandre Aquiles, por me ensinar ainda mais, que ajudar ao próximo é essencial em todos os momentos da nossa vida.

Opcionalmente coloca aqui alguma citação, uma frase, algo que queira deixar como mensagem. Enfim, uma epigrafe. Não esquecer de escrever entre aspas.

(Autor da Frase Citada)

**RESUMO** 

Escreva o resumo em um único parágrafo. O resumo é o cartão de visitas do seu trabalho. De

forma sintética deve ficar claro qual o problema de pesquisa, qual o objetivo (solução hipotética)

apresentado e os principais resultados obtidos. Também a relevância (justificativa) do trabalho

deve ficar claro. Ao ler seu resumo, coloque-se no lugar do leitor e pense: quem ler este resumo

irá ter interesse em abrir a monografia para ler ? Seu resumo só será bom, se a resposta na

maioria das vezes for SIM.

Palavra-chave 1. Palavra-chave 2. Palavra-chave 3.

**ABSTRACT** 

Write the abstract in a single paragraph. Abstract is the main advertisement of your work. In

summary, it should be clear what the research problem is, the objective (hypothetical solution)

presented and the main results achieved. Also the relevance (motivation) of the work should be

clear. As you read your abstract, put yourself in the reader's place and think: if someone reads

this abstract, would him/her be interested in reading the full monograph? Your abstract will only

be good if the answer to this question is YES in most cases.

BE CAREFUL: Your abstract MUST NOT be an automatic translation (Google Translator) of

your Portuguese text. You MUST write it again in English. Otherwise it will probably be a very

bad text.

**Keywords:** Keyword 1. Keyword 2. Keyword 3.

# LISTA DE FIGURAS

# LISTA DE TABELAS

# LISTA DE SÍMBOLOS

	Velocidade	.1 . 1
L	Velocidade	ua iuz

- E Energia
- m massa

# SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	12
2	CAPÍTULO 2 - FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	15
2.1	Biologia Molecular	15
2.1.1	Virus	15
2.2	Filogenia	15
2.3	Bioinformática	15
3	CAPÍTULO 3 - DESCRIÇÃO DO PROJETO	16
4	CONSIDERAÇÕES FINAIS	17
	REFERÊNCIAS	18
	APÊNDICES	21
	APÊNDICE A – Modelo de Capa	22
	ANEXOS	23
	ANEXO A – Exemplo de Anexo	24

# 1 INTRODUÇÃO

Os desafios impostos pela pandemia do COVID-19 incluíram a falta de conhecimento suficiente na compreensão da importância das ameaças biológicas e da preparação médica, apesar dos avanços científicos e tecnológicos. O conhecimento prévio sobre os agentes biológicos com potencial para causar pandemia pode melhorar substancialmente nossa preparação prépandemia. (1, p. 1)

Segundo (2, p.1) 'os métodos filogenéticos podem ser usados para analisar os dados da sequência de nucleotídeos de forma que a ordem de descendência de cepas relacionadas possa ser determinada. Quando associada à análise filogenética apropriada, a epidemiologia molecular tem o potencial de elucidar os mecanismos que levam a surtos microbianos e epidemias.'

Uma das principais formas de análise filogenética é realizada através da árvore filogenética, onde são representadas as relações evolutivas entre um conjunto de espécies. De acordo com (3) elas tem função importante porque apresentam de forma sucinta e particular a evolução dos descendentes partindo de ancestrais em comum.

A semelhança genética entre vários vírus infecciosos e mortais fornece uma visão do fato de que o RNA é a chave para discernir e marcar os possíveis patógenos que podem causar uma pandemia. Embora um padrão geral e motivos conservados possam ser observados em ancestrais imediatos, as regiões não conservadas das sequências são o resultado da acumulação de mutações, seja por inserção ou deleção de um ou vários nucleotídeos ou por substituição pontual de um nucleotídeo por outro. A fonte principal de mutações em vírus são percalços na replicação e a recombinação de RNA (1, p. 11). Nos eucariotos, a principal fonte de mutação é a radiação incidente nas gônadas, que pode ser ambiental (solo com material radioativo), artificial (radiografias e tomografias) ou radiação cósmica.

Apesar da utilidade da filogenética e dos softwares comerciais e públicos disponíveis para análises filogenéticas, os métodos filogenéticos são muitas vezes aplicados de forma inadequada. Mesmo quando aplicados adequadamente, muitas vezes são mal explicados e, portanto, mal compreendidos. (2, p. 1) Além disso, por trabalhar com grandes quantidades de dados, os métodos utilizados devem ser avaliados também em relação ao seu custo computacional.

Os trabalhos relacionados apresentaram vários métodos de classificação gênica. Como por exemplo (4) comparou três modelos para reconstrução de árvores filogenéticas: junção de vizinhos; máxima verossimilhança e inferência bayesiana. Para (5) e (6) foi usada a inferência bayesiana. Já a proposta do método de máxima verossimilhança foi utilizada por (7), (1), (8), (9), (10), (11), (12) e (13). Além desses, o trabalho de (14) expos o Frequency Chaos Game Representation, (15) a floresta aleatória e (16) a junção de vizinhos.

As soluções até então desenvolvidas, são guiadas pela reconstrução das árvores filogenéticas construídas a partir das mutações de nucleotídeos. Neste aspecto, as ferramentas disponíveis não oferecem uma aplicação no contexto de árvores reconstruídas com distâncias obtidas a partir da diferença do uso de códons. Necessita-se pesquisa e desenvolvimento de ferramentas que realizem uma classificação de sequências genéticas com base no uso/frequência de códons.

Com base no problema de pesquisa proposto, foram construídos os objetivos que deveriam ser atingidos, os mesmos são apresentados a seguir:

- Objetivo Geral
  - (i) Desenvolver e validar um novo método de análise da evolução molecular de vírus
- Objetivos Específicos
  - (i) Definir um modelo para validação do método proposto
  - (ii) Desenvolver uma de ferramenta para caracterizar/validar o método
  - (iii) Coletar os dados necessários para aplicar na ratificação do método

Atingir o objetivo de desenvolver um método de construção de árvores com base nas distâncias obtidas a partir da diferença do uso de códons, contribuiria com a tarefa de classificação de cepas para a vigilância sanitária, especialmente na descoberta de novas cepas emergentes com potenciais pandêmicos. Ademais, é também importante dispor de alternativas à filogenia molecular atualmente utilizada, para gerar informações de outro ponto de vista e-ou para servir de referência aos métodos filogenéticos. Os métodos atuais ainda demandam de um alto custo computacional, sendo assim, existe a necessidade de desenvolver outros mais baratos e que possam suportar o volume crescente de dados (sequências). Posto isso, o projeto visa apresentar um método que seja capaz de realizar classificações, com um custo computacional baixo, em relação a outros métodos, e que possa apresentar, do ponto de vista científico, alternativas de comparação com outras técnicas já existentes.

Um ponto importante para a obtenção dos objetivos deste trabalho está relacionada a definição da metodologia que serviria como alicerce. Com a proposta de desenvolver e validar um método de análise da evolução molecular de vírus com base no uso de códons, a metodologia escolhida para isso é elaborada numa pesquisa do tipo quantitativa, ou seja, com o uso de medidas estatísticas para mensurar e comparar os resultados obtidos.

A pesquisa quantitativa só tem sentido quando há um problema muito bem definido e há informação e teoria a respeito do objeto de conhecimento, entendido aqui como o foco da pesquisa e/ou aquilo que se quer estudar. Esclarecendo mais, só se faz pesquisa de natureza quantitativa quando se conhece as qualidades e se tem controle do que se vai pesquisar.(17)

# 2 CAPÍTULO 2 - FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

#### 2.1 BIOLOGIA MOLECULAR

A Biologia Molecular é um ramo da biologia que lida com as interações bioquímicas celulares envolvidas na duplicação do material genético e na síntese proteica. Consiste em principalmente em estudar as interações entre os vários sistemas da célula, partindo da relação entre o Ácido Desoxirribonucleico (DNA), o Ácido Ribonucleico (RNA) e a síntese de proteínas, e o modo como essas interações são reguladas.

#### **2.1.1** Virus

## 2.2 FILOGENIA

# 2.3 BIOINFORMÁTICA

# 3 CAPÍTULO 3 - DESCRIÇÃO DO PROJETO

Depois dos capítulos de fundamentação teórica e trabalhos relacionados, é hora de apresentar o trabalho propriamente dito. Descrever o que foi feito para desenvolver a solução do problema investigado. Aqui a metodologia deve ser bem detalhada, a arquitetura das soluções descritas em detalhes, as tecnologias utilizadas apresentadas e justificadas. Enfim, aqui é uma espécie de relatório do que você fez.

Mais uma vez, alguns autores preferem neste mesmo capítulo apresentar também o plano de testes e validação e os resultados obtidos. Outros autores colocam isto num capítulo separado depois deste. Novamente não há regra rígida para isto. As duas opções são válidas e devem ser decididas em conjunto com o orientador. Sempre usar o bom senso para não ter capítulos curtos demais nem longos demais. É importante deixar muito claro o plano de validação, a fundamentação estatística utilizada, o processo de coleta de dados, e apresentar o resultado de forma adequada usando gráficos, tabelas, etc. Estes resultados devem ser analisados, mas NÃO DEVEM GERAR CONCLUSÕES AINDA. Analisar não significa Concluir. Para isto existe um capítulo de Conclusão!

# 4 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Neste capítulo são apresentadas duas coisas: Conclusões e Trabalhos Futuros. Aqui devem ser apresentadas a que conclusões se pode chegar a partir dos resultados apresentados e analisados no capítulo anterior. Um erro grave e recorrente é usar este capítulo para REPETIR coisas que já foram ditas. Não precisa dizer aqui o que você fez, isto já foi dito no capítulo de desenvolvimento projeto. Não precisa aqui repetir todos os resultados, isto já foi apresentado antes também. Você pode referenciar os seus principais resultados para fundamentar suas conclusões.

Outro ponto é ter cuidado com o que se conclui. Pergunte sempre se realmente seus resultados permitem concluir o que você escreveu que está concluindo. Neste ponto das conclusões é onde você deve deixar evidente qual a principal contribuição de seu trabalho e quais as contribuições complementares/secundárias. Esta é uma pergunta que todo membro de banca examinadora tem na cabeça, então se já tiver claro aqui na conclusão é melhor.

Finalmente sugira trabalhos futuros que façam sentido a partir dos seus resultados. Trabalhos estes que poderão ser desenvolvidos por você mesmo ou outras pessoas. São uma espécie de continuidade deste trabalho.

Depois da conclusão virão os elementos pós-textuais: Glossários, Referências Bibliográficas, Apêndices e Anexos. Apenas as Referências Bibliográficas são obrigatórias e devem estar de acordo com as normas da ABNT.

O Apêndice é algum conteúdo complementar não obrigatório gerado pelo próprio autor. Por exemplo, um manual de uso de um sistema, diagramas de classe de um sistema, código-fonte completo ou parcial de um sistema. Enfim, coisas que não são necessárias para entender a solução e os resultados mas que podem ser úteis para alguém que queira se aprofundar mais. Como dito, é opcional e você pode ter um ou mais apêndices.

Anexos também são opcionais. São conteúdos complementares de outros autores. Pode ser anexado algum capítulo de outro trabalho, ou outro texto ou material relevante que não seja de sua autoria. Obviamente com a fonte devidamente referenciada.

# REFERÊNCIAS

- 1 BEHL, A.; NAIR, A.; MOHAGAONKAR, S.; YADAV, P.; GAMBHIR, K.; TYAGI, N.; SHARMA, R. K.; BUTOLA, B. S.; SHARMA, N. Threat, challenges, and preparedness for future pandemics: A descriptive review of phylogenetic analysis based predictions. **Infection, Genetics and Evolution**, v. 98, p. 105217, mar. 2022. ISSN 15671348. Disponível em: <a href="https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S1567134822000144">https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S1567134822000144</a>.
- 2 HALL, B. G.; BARLOW, M. Phylogenetic analysis as a tool in molecular epidemiology of infectious diseases. **Annals of Epidemiology**, v. 16, n. 3, p. 157–169, 2006. ISSN 1047-2797. Disponível em: <a href="https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1047279705001080">https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1047279705001080</a>.
- 3 MORRISON, D. A. Tree Thinking: An Introduction to Phylogenetic Biology. David A. Baum and Stacey D. Smith. **Systematic Biology**, v. 62, n. 4, p. 634–637, 05 2013. ISSN 1063-5157. Disponível em: <a href="https://doi.org/10.1093/sysbio/syt026">https://doi.org/10.1093/sysbio/syt026</a>.
- 4 DIMITROV, K. M.; ABOLNIK, C.; AFONSO, C. L.; ALBINA, E.; BAHL, J.; BERG, M.; BRIAND, F.-X.; BROWN, I. H.; CHOI, K.-S.; CHVALA, I.; DIEL, D. G.; DURR, P. A.; FERREIRA, H. L.; FUSARO, A.; GIL, P.; GOUJGOULOVA, G. V.; GRUND, C.; HICKS, J. T.; JOANNIS, T. M.; TORCHETTI, M. K.; KOLOSOV, S.; LAMBRECHT, B.; LEWIS, N. S.; LIU, H.; LIU, H.; MCCULLOUGH, S.; MILLER, P. J.; MONNE, I.; MULLER, C. P.; MUNIR, M.; REISCHAK, D.; SABRA, M.; SAMAL, S. K.; ALMEIDA, R. Servan de; SHITTU, I.; SNOECK, C. J.; SUAREZ, D. L.; BORM, S. V.; WANG, Z.; WONG, F. Y. Updated unified phylogenetic classification system and revised nomenclature for Newcastle disease virus. Infection, Genetics and Evolution, v. 74, p. 103917, out. 2019. ISSN 15671348. Disponível em: <a href="https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S1567134819301388">https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S1567134819301388</a>.
- 5 YIN, Y.; HE, K.; WU, B.; XU, M.; DU, L.; LIU, W.; LIAO, P.; LIU, Y.; HE, M. A systematic genotype and subgenotype re-ranking of hepatitis B virus under a novel classification standard. **Heliyon**, v. 5, n. 10, p. e02556, out. 2019. ISSN 24058440. Disponível em: <a href="https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S2405844019362164">https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S2405844019362164</a>>.
- 6 BEDOYA-PILOZO, C. H.; MAGÜES, L. G. M.; ESPINOSA-GARCÍA, M.; SÁNCHEZ, M.; VALDIVIEZO, J. V. P.; MOLINA, D.; IBARRA, M. A.; QUIMIS-PONCE, M.; ESPAÑA, K.; MACIAS, K. E. P.; FLORES, N. V. C.; ORLANDO, S. A.; PENAHERRERA, J. A. R.; CHEDRAUI, P.; ESCOBAR, S.; CHANGO, R. D. L.; RAMIREZ-MORÁN, C.; ESPINOZA-CAICEDO, J.; SÁNCHEZ-GILER, S.; LIMIA, C. M.; ALEMÁN, Y.; SOTO, Y.; KOURI, V.; CULASSO, A. C.; BADANO, I. Molecular epidemiology and phylogenetic analysis of human papillomavirus infection in women with cervical lesions and cancer from the coastal region of Ecuador. **Revista Argentina de Microbiología**, v. 50, n. 2, p. 136–146, abr. 2018. ISSN 03257541. Disponível em: <a href="https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0325754117301372">https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0325754117301372</a>.
- 7 FALL, A.; ELAWAR, F.; HODCROFT, E. B.; JALLOW, M. M.; TOURE, C. T.; BARRY, M. A.; KIORI, D. E.; SY, S.; DIAW, Y.; GOUDIABY, D.; NIANG, M. N.; DIA, N. Genetic diversity and evolutionary dynamics of respiratory syncytial virus over eleven consecutive years of surveillance in Senegal. **Infection, Genetics and Evolution**, v. 91, p. 104864, jul. 2021. ISSN 15671348. Disponível em: <a href="https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S1567134821001611">https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S1567134821001611</a>.

- 8 SHABBIR, M. Z.; RAHMAN, A.-u.; MUNIR, M. A comprehensive global perspective on phylogenomics and evolutionary dynamics of Small ruminant morbillivirus. **Scientific Reports**, v. 10, n. 1, p. 17, dez. 2020. ISSN 2045-2322. Disponível em: <a href="http://www.nature.com/articles/s41598-019-54714-w">http://www.nature.com/articles/s41598-019-54714-w</a>.
- 9 HUDU, S. A.; NIAZLIN, M. T.; NORDIN, S. A.; HARMAL, N. S.; TAN, S. S.; OMAR, H.; SHAHAR, H.; MUTALIB, N. A.; SEKAWI, Z. Hepatitis E virus isolated from chronic hepatitis B patients in Malaysia: Sequences analysis and genetic diversity suggest zoonotic origin. **Alexandria Journal of Medicine**, v. 54, n. 4, p. 487–494, dez. 2018. ISSN 2090-5068, 2090-5076. Disponível em: <a href="https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1016/j.ajme.2017.07.003">https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1016/j.ajme.2017.07.003</a>>.
- 10 SALLARD, E.; HALLOY, J.; CASANE, D.; DECROLY, E.; HELDEN, J. van. Tracing the origins of SARS-COV-2 in coronavirus phylogenies: a review. **Environmental Chemistry Letters**, v. 19, n. 2, p. 769–785, abr. 2021. ISSN 1610-3653, 1610-3661. Disponível em: <a href="https://link.springer.com/10.1007/s10311-020-01151-1">https://link.springer.com/10.1007/s10311-020-01151-1</a>.
- 11 PAEZ-ESPINO, D.; ZHOU, J.; ROUX, S.; NAYFACH, S.; PAVLOPOULOS, G. A.; SCHULZ, F.; MCMAHON, K. D.; WALSH, D.; WOYKE, T.; IVANOVA, N. N.; ELOE-FADROSH, E. A.; TRINGE, S. G.; KYRPIDES, N. C. Diversity, evolution, and classification of virophages uncovered through global metagenomics. **Microbiome**, v. 7, n. 1, p. 157, dez. 2019. ISSN 2049-2618. Disponível em: <a href="https://microbiomejournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/s40168-019-0768-5">https://microbiomejournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/s40168-019-0768-5</a>.
- 12 TANG, X.; YING, R.; YAO, X.; LI, G.; WU, C.; TANG, Y.; LI, Z.; KUANG, B.; WU, F.; CHI, C.; DU, X.; QIN, Y.; GAO, S.; HU, S.; MA, J.; LIU, T.; PANG, X.; WANG, J.; ZHAO, G.; TAN, W.; ZHANG, Y.; LU, X.; LU, J. Evolutionary analysis and lineage designation of SARS-CoV-2 genomes. **Science Bulletin**, v. 66, n. 22, p. 2297–2311, nov. 2021. ISSN 20959273. Disponível em: <a href="https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S2095927321001250">https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S2095927321001250</a>.
- 13 CHO, M.; MIN, X.; SON, H. S. Analysis of evolutionary and genetic patterns in structural genes of primate lentiviruses. **Genes & Genomics**, v. 44, n. 7, p. 773–791, jul. 2022. ISSN 1976-9571, 2092-9293. Disponível em: <a href="https://link.springer.com/10.1007/s13258-022-01257-6">https://link.springer.com/10.1007/s13258-022-01257-6</a>.
- 14 LICHTBLAU, D. Alignment-free genomic sequence comparison using FCGR and signal processing. **BMC Bioinformatics**, v. 20, n. 1, p. 742, dez. 2019. ISSN 1471-2105. Disponível em: <a href="https://bmcbioinformatics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12859-019-3330-3">https://bmcbioinformatics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12859-019-3330-3</a>.
- 15 KIM, J.; CHEON, S.; AHN, I. NGS data vectorization, clustering, and finding key codons in SARS-CoV-2 variations. **BMC Bioinformatics**, v. 23, n. 1, p. 187, dez. 2022. ISSN 1471-2105. Disponível em: <a href="https://bmcbioinformatics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12859-022-04718-7">https://bmcbioinformatics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12859-022-04718-7</a>.
- 16 POTDAR, V.; VIPAT, V.; RAMDASI, A.; JADHAV, S.; PAWAR-PATIL, J.; WALIMBE, A.; PATIL, S.; CHOUDHURY, M.; SHASTRI, J.; AGRAWAL, S.; PAWAR, S.; LOLE, K.; ABRAHAM, P.; CHERIAN, S. Phylogenetic classification of the whole-genome sequences of SARS-CoV-2 from India & evolutionary trends. **Indian Journal of Medical Research**, v. 153, n. 1, p. 166, 2021. ISSN 0971-5916. Disponível em: <a href="https://journals.lww.com/ijmr/Fulltext/2021/01000/Phylogenetic\_classification\_of\_the\_whole\_genome.14.aspx">https://journals.lww.com/ijmr/Fulltext/2021/01000/Phylogenetic\_classification\_of\_the\_whole\_genome.14.aspx</a>.
- 17 SILVA, D. D.; LOPES, E. L.; JUNIOR, S. S. B. Pesquisa Quantitativa: Elementos, Paradigmas e Definições. **Revista de Gestão e Secretariado**, v. 05, n. 01, p. 01–18, abr. 2014.

ISSN 21789010, 21789010. Disponível em: <a href="http://www.revistagesec.org.br/ojs-2.4.5/index.php/secretariado/article/view/297">http://www.revistagesec.org.br/ojs-2.4.5/index.php/secretariado/article/view/297</a>.

**APÊNDICES** 

# APÊNDICE A - Modelo de Capa

Lorem ipsum dolor sit amet, consectetuer adipiscing elit. Ut purus elit, vestibulum ut, placerat ac, adipiscing vitae, felis. Curabitur dictum gravida mauris. Nam arcu libero, nonummy eget, consectetuer id, vulputate a, magna. Donec vehicula augue eu neque. Pellentesque habitant morbi tristique senectus et netus et malesuada fames ac turpis egestas. Mauris ut leo. Cras viverra metus rhoncus sem. Nulla et lectus vestibulum urna fringilla ultrices. Phasellus eu tellus sit amet tortor gravida placerat. Integer sapien est, iaculis in, pretium quis, viverra ac, nunc. Praesent eget sem vel leo ultrices bibendum. Aenean faucibus. Morbi dolor nulla, malesuada eu, pulvinar at, mollis ac, nulla. Curabitur auctor semper nulla. Donec varius orci eget risus. Duis nibh mi, congue eu, accumsan eleifend, sagittis quis, diam. Duis eget orci sit amet orci dignissim rutrum.

**ANEXOS** 

# ANEXO A – Exemplo de Anexo

Aliquam lectus. Vivamus leo. Quisque ornare tellus ullamcorper nulla. Mauris porttitor pharetra tortor. Sed fringilla justo sed mauris. Mauris tellus. Sed non leo. Nullam elementum, magna in cursus sodales, augue est scelerisque sapien, venenatis congue nulla arcu et pede. Ut suscipit enim vel sapien. Donec congue. Maecenas urna mi, suscipit in, placerat ut, vestibulum ut, massa. Fusce ultrices nulla et nisl.