

Mauricio Souza Menezes

*Ferramenta Computacional para o Estudo
da Evolução de Espécies Baseado no Uso
de Códon*

Salvador-BA

2 de dezembro de 2022

Mauricio Souza Menezes

*Ferramenta Computacional para o Estudo
da Evolução de Espécies Baseado no Uso
de Códon*

Áreas da Computação:
Bioinformática

Orientador:
PhD Diego Gervasio Frias Suárez

UNEB - UNIVERSIDADE DO ESTADO DA BAHIA
DEPARTAMENTO DE CIÊNCIAS EXATAS E DA TERRA

Salvador-BA

2 de dezembro de 2022

Folha de Aprovação

Anteprojeto sob o título provisório *Ferramenta Computacional para o Estudo da Evolução de Espécies Baseado no Uso de Códon*s apresentado como exigência parcial para avaliação na disciplina Trabalho de Conclusão de Curso I do bacharelado em Sistemas de Informação da Universidade do Estado da Bahia entregue por *Mauricio Souza Menezes* a Marco Antônio Costa Simões professor da disciplina, em 2 de dezembro de 2022, em Salvador, Bahia.

Mauricio Souza Menezes
Orientando

Diego Gervasio Frias Suárez

Sumário

1	Introdução	p. 4
2	Objetivos	p. 6
3	Justificativas e Contribuições	p. 7
4	Metodologia	p. 8
5	Cronograma	p. 9
	Referências	p. 11

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 pré-pandemia. (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 é representada 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 partir da análise filogenética realizada, pode-se facilmente interpretar que algumas cadeias de sequências de nucleotídeos podem resultar em catástrofe. 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, essas sequências podem ter sido induzidas ou incorporadas por meio de mutações, evolução ou percalços na replicação. (1, p. 11)

Apesar da utilidade da filogenética e dos softwares e manuais baratos e prontamente 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.

2 *Objetivos*

Com base no problema de pesquisa apresentado na seção anterior apresentamos foi definido como objetivo geral o desenvolvimento de um método para a criação de cladogramas a partir da diferença do uso de códon. Além desse, os objetivos específicos são apresentados a seguir:

- Definir um padrão comparativo entre o modelo proposto e árvores construídas a partir das mutações de nucleotídeos.

3 Justificativas e Contribuições

Escrever a Motivação (por que) para a execução deste trabalho, destacando a relevância (social, econômica ou acadêmica) do mesmo. Descrever as razões pelas quais o projeto deve ser desenvolvido, quais as contribuições (acadêmicas e/ou científicas) para a área de conhecimento do projeto. Tal contribuição é assegurada pela utilidade do trabalho aos demais, pela contribuição cumulativa (ou seja, pelo que este acrescenta ao conjunto do conhecimento científico do tema), pelo ineditismo do tema ou da abordagem e pela contribuição à superação de lacunas no conhecimento.

4 *Metodologia*

Escrever detalhadamente a Metodologia (como será feito) que será usada para execução do Trabalho. Em outras palavras, dizer como os objetivos geral e específicos serão atingidos, que ações serão executadas, que testes serão realizados, que indicadores serão usados, etc. Descrever também as tecnologias que serão utilizadas para o desenvolvimento do trabalho e como se pretende validar o projeto. Lembre de usar a fundamentação em estatística para trabalhos que tenham isto como requisito (pesquisas de campo, aplicação de questionários, estudos de caso, etc). Ao descrever as ações na metodologia não economize em detalhes. Quanto mais detalhadas forem as ações, mais fácil será estimar prazos exequíveis no cronograma.

5 *Cronograma*

Descrever o cronograma de execução do trabalho planejando a duração de cada uma das etapas previstas na metodologia até a conclusão do mesmo ao final da disciplina TCC-02.

O cronograma deste projeto é apresentado nas tabelas 1 e 2.

	Jan	Fev	Mar	Abr	Mai	Jun
Atividade 1	•	•	•			
Atividade 2		•	•			
Atividade 3		•	•	•		
Atividade 4			•			
Atividade 5				•	•	•

Tabela 1: Cronograma de Janeiro a Junho de 20XX

	Jul	Ago	Set	Out	Nov	Dez
Atividade 6	•	•				
Atividade 7		•	•			
Atividade 8		•	•	•		
Atividade 9			•	•		
Atividade 10				•	•	
Atividade 11						•

Tabela 2: Cronograma de Julho até Dezembro de 20XX

Observação: As tabelas acima são apenas ilustrativas, o aluno deve elaborar seu cronograma e apresentá-lo da forma mais adequada ao seu projeto, inclusive podendo usar uma única tabela, dividir os períodos em semanas, dias, etc.

Incluir as Referências Bibliográficas pesquisadas durante a elaboração do Anteprojeto

e que foram CITADAS no mesmo, já utilizando a norma da ABNT como nos exemplos(4) (5) (6).

Exemplo de citação direta com mais de três linhas.Exemplo de citação direta com mais de três linhas. Exemplo de citação direta com mais de três linhas. Exemplo de citação direta com mais de três linhas. Exemplo de citação direta com mais de três linhas. Exemplo de citação direta com mais de três linhas. Exemplo de citação direta com mais de três linhas(4, p. 3).

Numa citação direta com menos de três linhas, “coloca-se entre aspas e cita indicando a página” (6, p. 2).

Referências

- 1 BEHL, A. et al. 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: [i<https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S1567134822000144>i.](https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S1567134822000144)
- 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: [i<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1047279705001080>i.](https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1047279705001080)
- 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: [i<https://doi.org/10.1093/sysbio/syt026>i.](https://doi.org/10.1093/sysbio/syt026)
- 4 SILVA, J. et al. Título do artigo 1. In: UNEB. *Conferência Internacional de TCCs, Proceedings of*. [S.l.], 2017. p. 122–152.
- 5 SANTOS, J.; SILVA, M. Título do artigo 2. *Journal of TCCs*, EDUNEB, v. 35, n. 2, p. 36–78, 2018.
- 6 Sá, M. *Introduction to TCCs*. 2nd. ed. Salvador, BA, Brazil: UNEB Press, 2015. ISBN 9999999999.