

Proposta do Trabalho Final

PLANO A: Função Barcode: Utilizando o DNA Barcode para delimitar novas espécies

Devido às limitações no sistema de identificação de espécies baseado na morfologia e ao baixo número de taxonomistas, foi necessária uma nova ferramenta para o reconhecimento de táxons e ferramentas moleculares parecem ser mais promissoras para resolver esses problemas. Estudos mostraram que o gene para a citocromo c oxidase I (COI) possui maior quantidade de sinais filogenéticos do que qualquer outro gene mitocondrial e, em termos metodológicos, existem *primers* universais robustos que permitem sua amplificação em uma ampla gama de táxons. Essa metodologia, denominada de *DNA barcode*, promete ser um novo sistema de identificação aplicável na discriminação de todas as espécies vivas do planeta.

Objetivo: Criar uma função para alinhar sequências de COI do mtDNA, construir uma matriz de distância genética com o modelo K2P e categorizar as distâncias genéticas para validação de espécies novas (<2%=mesma espécie; > 2-3% espécies problemáticas; >3% nova espécie).

PLANO B: Função: Simulações de demografia histórica a partir de MNE

A MNE (Modelagem de Nicho Ecológico) e modelos de distribuição de espécies tem se tornado uma ferramenta de importante aplicação, pois permite prever a distribuição geográfica das espécies, prever mudanças na distribuição em consequência de eventos climáticos passados ou futuros e investigar padrões de especiação e divergência de nicho. A premissa fundamental da MNE é a predição da ocorrência de uma determinada espécie em uma área a partir de dados de localidades georreferenciadas e conjuntos de dados ambientais espaciais.

Objetivo: Fazer uma simulação da demografia histórica de uma espécie utilizando gráficos animados das predições obtidas na MNE em diferentes períodos e cenários (Inter-glacial, Último máximo-glacial, Holoceno, distribuição atual e distribuições futuras de 2020 a 2080).

Comentários

Geral: para avaliar a viabilidade das propostas precisamos entender o que a função recebe como informação e o que ela retorna de objeto de saída, além dos argumentos que deverá conter. Fica difícil avaliar as propostas apenas pela tarefa que irá realizar.

Plano A: um desafio enorme que demanda muito conhecimento teórico e analítico. Só a parte de alinhamento de sequências tem toda uma complexidade que me foge e que sei que envolve métodos computacionais próprios. A viabilidade dessa proposta depende muito do seu conhecimento prévio teórico e de programação. Preciso que vc. forneça mais informações para que possamos avaliar a proposta. Como; quais técnicas de alinhamento, tamanho da sequência de base, funções e pacotes acessórios que irá usar..

Plano B: Da mesma forma que o plano A, depende muito do seu background teórico, analítico e de modelagem. Deve discriminar melhor a função definindo os passos e quais ferramentas irá usar em

seu auxílio para construir a função.

— [Alexandre Adalardo de Oliveira](#) 2012/04/04 15:04

Resposta aos comentários

Oi professor!

Alinhar as sequências, nesse caso, é relativamente simples pois é uma região codificante, sem gaps. Além disso, estou vendo uns pacotes de alinhamento para deixar mais refinado os parâmetros (mesmo não precisando!). O método de árvore usado para esta técnica é um método de distância (Neighbor Joining) com modelo de substituição de nucleotídeos K2P, que considera taxas diferentes para transição e transversão. É uma fórmula simples que eu acho/espero que vai seja tranquilo fazer em R... A árvore é feita através de uma matriz de distância dos nucleotídeos, e é essa matriz que eu quero dar como output. Além disso, separar os espécimes de acordo com a distância genética encontrada para dar como resultado final se os espécimes analisados são ou não espécies distintas (nesse caso seriam os espécimes com distância genética superior a 3%).

Quanto à MNE (plano B), eu já tenho as previsões prontas e o que eu queria mesmo era fazer uma animação, algo que me inspirei em um exemplo que você fez e mostrou em aula.

Amanhã vou me dedicar ao meu projeto e logo mais forneço informações mais detalhadas.

Valeu!

Resposta a Resposta aos Comentários

Oi Elaine,

Sua resposta demonstra que vc. tem dimensão do desafio e que já foi atrás dos pacotes para ajudá-la. Era isso que precisava saber. Precisando de ajuda envie mensagem pelo Forum pois o monitor Daniel (Musgo) pode ajudar indicando os pacotes.

Bom trabalho.

— [Alexandre Adalardo de Oliveira](#) 2012/04/05 12:51

From:
<http://ecor.ib.usp.br/> - ecoR

Permanent link:
http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=05_curso_antigo:alunos2012:alunos:trabalho_final:francoso:proposta_de_trabalho_final

Last update: 2020/08/12 06:04