



UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA CATARINA
CENTRO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOLOGIA CELULAR E DO
DESENVOLVIMENTO

Caio Tourinho Pereira

DRAGOA (Database register of Activities by Genetic diversity of Animals): um sistema de gestão de dados para fins de conservação.

Florianópolis

2024

Caio Tourinho Pereira

DRAGOA (Database register of Activities by Genetic diversity of Animals): um sistema de gestão de dados para fins de conservação.

Dissertação submetida ao Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e do Desenvolvimento da Universidade Federal de Santa Catarina como requisito parcial para a obtenção do título de Mestre em Biologia Celular e do Desenvolvimento.

Orientadora: Prof^ª. Dr^ª. Andrea Rita Marrero.

Florianópolis

2024

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor,
através do Programa de Geração Automático da Biblioteca Universitária da UFSC.

Pereira, Caio Tourinho

DRAGOA (Database register of activities by genetic diversity of animals): um sistema de gestão de dados para fins de conservação. / Caio Tourinho Pereira ; orientadora, Andrea Rita Marrero, 2024.

84 p.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Santa Catarina, Centro de Ciências Biológicas, Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e do Desenvolvimento, Florianópolis, 2024.

Inclui referências.

1. Biologia Celular e do Desenvolvimento. 2. Biologia da conservação. 3. Biodiversidade. 4. Gestão de dados biológicos. 5. Tecnologia. I. Marrero, Andrea Rita. II. Universidade Federal de Santa Catarina. Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e do Desenvolvimento. III. Título.

Caio Tourinho Pereira

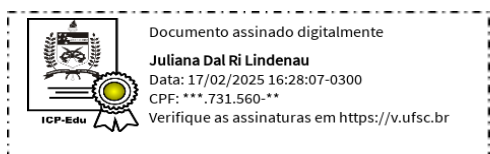
DRAGOA (Database register of Activities by Genetic diversity of Animals): um sistema de gestão de dados para fins de conservação.

O presente trabalho em nível de Mestrado foi avaliado e aprovado, em 18 de novembro de 2024, pela banca examinadora composta pelos seguintes membros:

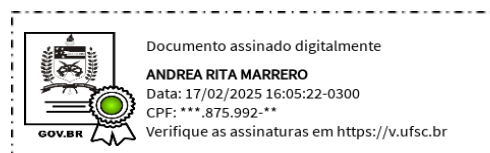
Prof., Dr. Guilherme de Toledo e Silva
Universidade Federal de Santa Catarina

Prof., Dr. Glauber Wagner
Universidade Federal de Santa Catarina

Certificamos que esta é a versão original e final do trabalho de conclusão que foi julgado adequado para obtenção do título de Mestre em Biologia Celular e do Desenvolvimento.



Coordenação do Programa de Pós-Graduação



Profa., Dra. Andrea Rita Marrero
Orientadora

Florianópolis, 2024.

RESUMO

O DRAGOA (*Database Register of Activities by Genetic Diversity Of Animals*) foi projetado com o objetivo de estruturar um sistema de gestão de dados relacionais voltado à conservação de espécies ameaçadas, auxiliando no manejo genético de populações cativas para programas de reprodução e reintrodução. A crescente perda de biodiversidade, impulsionada por impactos antropogênicos, reforça a necessidade de estratégias que integrem a genética da conservação ao planejamento de manejo. O planejamento e criação do sistema de gestão de dados foi realizado através da metodologia *Double Diamond Process*, estruturada em quatro fases: descoberta, definição, desenvolvimento e entrega. Durante a fase de descoberta, foram realizadas uma prospecção tecnológica e uma revisão integrativa para identificar os melhores requisitos para armazenamento e análise de dados genéticos. Na prospecção realizada foram selecionados 15 sistemas e levantadas as principais características e requisitos dos sistemas. A revisão integrativa foi conduzida por meio da metodologia *SPIDER*, uma estratégia de busca científica que estrutura a pesquisa em cinco elementos: *Sample* (amostra), *Phenomenon of Interest* (fenômeno de interesse), *Design* (delineamento do estudo), *Evaluation* (desfecho) e *Research Type* (tipo de pesquisa). Essa abordagem permitiu a identificação de 29 estudos relevantes sobre bancos de dados genômicos e bioinformática aplicada à conservação. A definição da estrutura relacional do DRAGOA foi feita com base no *MySQL Workbench*, estabelecendo entidades e atributos que permitissem organização eficiente e acessibilidade das informações. Na fase de desenvolvimento, o sistema foi implementado e testado, demonstrando sua funcionalidade para armazenamento seguro de dados genéticos e demais informações dos animais de populações cativas registrados para a formação de pares reprodutivos exogâmicos, reduzindo os riscos de endogamia. Os testes foram conduzidos com dados do Grupo de Pesquisa em Genética Populacional e Forense da UFSC, demonstrando a aplicabilidade do DRAGOA para fins conservacionistas. A análise comparativa entre bancos de dados relacionais e não relacionais indicou que ambas podem ser utilizadas para a gestão dos dados utilizados no projeto. O desenvolvimento do DRAGOA fornece uma ferramenta que pode contribuir para a preservação de espécies ameaçadas por meio da gestão de dados genéticos e suporte a programas de reintrodução. Além de reforçar a importância do uso de bancos de dados na conservação da biodiversidade, este estudo abre perspectivas para futuras melhorias, como a integração com softwares de análise genética e ampliação do acesso para outras instituições de pesquisa e conservação.

Palavras-chave: Parentesco; Biologia da conservação; Gestão de dados biológicos; Biodiversidade; Tecnologia.

ABSTRACT

DRAGOA (*Database Register of Activities by Genetic Diversity Of Animals*) was designed to structure a relational data management system aimed at the conservation of endangered species, assisting in the genetic management of captive populations for breeding and reintroduction programs. The increasing loss of biodiversity, driven by anthropogenic impacts, highlights the need for strategies that integrate conservation genetics into management planning. The planning and development of the data management system were carried out using the Double Diamond Process methodology, structured into four phases: discovery, definition, development, and delivery. During the discovery phase, a technological prospecting and an integrative review were conducted to identify the best requirements for genetic data storage and analysis. The technological prospecting resulted in the selection of 15 systems, from which the main characteristics and requirements were extracted. The integrative review followed the SPIDER methodology, a scientific search strategy structured into five elements: Sample, Phenomenon of Interest, Design, Evaluation, and Research Type. This approach allowed the identification of 29 relevant studies on genomic databases and bioinformatics applied to conservation. The relational structure of DRAGOA was modeled using MySQL Workbench, defining entities and attributes to ensure efficient organization and accessibility of information. During the development phase, the system was implemented and tested, demonstrating its functionality for the secure storage of genetic data and additional information on captive populations, facilitating the formation of exogamous breeding pairs and reducing the risks of inbreeding. The tests were conducted using data from the UFSC Research Group on Population and Forensic Genetics, confirming DRAGOA's applicability for conservation purposes. A comparative analysis between relational and non-relational databases demonstrated that both can be used for data management within the project, depending on scalability needs and application contexts. The development of DRAGOA represents an important advancement in conservation biology, providing a technological tool for the preservation of endangered species through genetic data management and support for reintroduction programs. In addition to reinforcing the importance of databases in biodiversity conservation, this study opens perspectives for future improvements, such as integration with genetic analysis software and expanded access for research and conservation institutions.

Keywords: Kinship; Conservation Biology; Biological data management; Biodiversity; Technology.

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	8
1.1 CONSERVAÇÃO DA FAUNA NATIVA DO BRASIL	11
1.2 O PAPEL DOS ZOOLOGICOS NA CONSERVAÇÃO	13
1.3 A GENÉTICA NA CONSERVAÇÃO	16
1.4 A PRODUÇÃO E ARMAZENAMENTO DE DADOS BIOLÓGICOS	18
2 JUSTIFICATIVA	24
3 OBJETIVOS	26
3.1 OBJETIVO GERAL	26
3.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS	26
4 MATERIAL E MÉTODOS	27
4.1 TIPO DE ESTUDO	27
4.2 ETAPA 1 – DESCOBERTA	28
4.2.2 Revisão integrativa	30
4.3 ETAPA 2 – DEFINIÇÃO	32
4.4 ETAPA 3 – DESENVOLVIMENTO	32
4.4.1 Criação do banco de dados	32
4.4.1.1 Planejamento da estrutura do banco de dados	32
4.4.2 Programação e edição	34
4.5 ETAPA 4 – ENTREGA	36
4.5.1 Dados testados	36
5 RESULTADOS E DISCUSSÃO	37
5.1 PROSPECÇÃO TECNOLÓGICA	37
5.2 REVISÃO INTEGRATIVA	43
5.3 O BANCO DE DADOS	58
5.4 ATUALIZANDO E POPULANDO OS DADOS	61
5.5 SIMULAÇÕES DA INTERFACE DE USUÁRIO	63
5.6 BANCO DE DADOS RELACIONAL VS NÃO RELACIONAL	65
6 CONSIDERAÇÕES FINAIS	67
REFERÊNCIAS	69
APÊNDICE A – PROTOCOLO DE PROSPECÇÃO	80
APÊNDICE B – PROTOCOLO DE REVISÃO INTEGRATIVA	82
APÊNDICE C – INTERFACE DE SGBD DO MYSQL WORKBENCH	84

1 INTRODUÇÃO

A biodiversidade do planeta está sob constante ameaça devido ao aumento das atividades antropogênicas, que têm como consequências negativas a destruição, degradação, fragmentação e poluição dos habitats, além da introdução de espécies domesticadas ou invasoras, comprometendo os ecossistemas globais (HUDSON *et al.*, 2014; VIÉ *et al.*, 2009). A magnitude e a frequência de tais intervenções humanas ultrapassam a capacidade natural e temporal de regeneração dos ecossistemas, resultando em desequilíbrios ambientais profundos, perceptíveis na perda acelerada da biodiversidade e em mudanças climáticas (CEBALLOS *et al.*, 2015; CARDINALE *et al.*, 2006). Impactos desta ordem não afetam apenas o equilíbrio dos ecossistemas, mas também comprometem serviços ecossistêmicos essenciais para a sobrevivência de animais humanos e não humanos tais como a polinização de culturas, a purificação da água e da atmosfera, além da regulação do clima (MORA *et al.*, 2011; WORM *et al.*, 2006).

Em um estudo realizado por Ceballos *et al.* (2015) foi constatado que a taxa de extinção de vertebrados induzida por atividades humanas é atualmente de 8 a 100 vezes maior do que a taxa de extinção natural (que é de cerca de duas espécies em 10.000 a cada 100 anos). Neste sentido Duffy *et al.* (2022) demonstraram que variações sutis na temperatura podem amplificar sistematicamente o risco de extinção dos organismos ectotérmicos. O cenário atual reforça a urgência de ações de conservação para mitigar os impactos humanos sobre a biodiversidade sendo emergencial entender as funções e serviços ecossistêmicos e assim realizar as melhores estratégias e investimentos para a preservação da biodiversidade que ainda resta no planeta (CARDINALE *et al.*, 2012; URBAN *et al.*, 2024).

Em 1964 a Comissão para Sobrevivência de Espécies da União Internacional para Conservação da Natureza (IUCN) estabeleceu 11 diferentes categorias organizadas em um catálogo sobre o *status* de conservação de protozoários, fungos, animais e plantas, visando compilar e fornecer informações de espécies/ subespécies com bases científicas para embasar políticas públicas internacionais e possíveis ações para conservação biológica. Durante a 51ª Reunião do Conselho da IUCN que ocorreu

na Suíça, em fevereiro de 2000 foram reorganizadas em nove categorias (Figura 1) relacionadas em ordem de grandeza desde “pouco preocupante” a “extinto”, além das categorias que não se tratam diretamente de dados da espécie mas sim da falta de informações.



A classificação é feita de acordo com definições como tamanho da população/subpopulação de indivíduos férteis em idade reprodutiva, tempo de duração da geração, declínio do número de indivíduos adultos, flutuações de disponibilidade alimentar ou áreas de distribuição, áreas de ocorrência e ocupação bem como análises quantitativas de probabilidade de extinção ou exigências de habitats.

No Brasil as diretrizes para uso dessas categorias e critérios da IUCN foram estabelecidas a partir da tradução dos documentos oficiais feitos pelo Instituto de Pesquisas Jardim Botânico do Rio de Janeiro, junto ao Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade (ICMBio) e ao IUCN SCC/ Centro de Sobrevivência de Espécies (CSEBrasil) com a meta essencial de “garantir que a sociedade civil esteja envolvida com a conservação da biodiversidade aliando informações científicas com profissionais da conservação e esforços das comunidades locais, como descrito no site do Ministério do Meio Ambiente (www.gov.br/mma/pt-br).

Prevista para outubro de 2024, em Bogotá (Colômbia) acontecerá a COP16 (Conferência das Partes da Convenção sobre Diversidade Biológica) onde são discutidas e negociadas ações para conservação da biodiversidade, uma vez que se trata de um tratado internacional que estabelece agendas, compromissos e marcos de

ação bem como garante “a repartição justa e equitativa dos benefícios recorrentes do uso de recursos genéticos” (www.cop16colombia.com).

A categorização de uma espécie é resultado de diversos esforços de pesquisas e publicações ecológicas, comportamentais, genéticas e biológicas. Tendo isso em conta, as categorias descrevem, em geral, espécies das quais se tem bastante conhecimento mas algumas merecem uma breve discussão como é o caso das extintas na natureza (EW) pois quando uma espécie só existe em cativeiro é considerada ecológica e geneticamente extinta uma vez que os espécimes restantes não representam a variabilidade genética das populações parentais, perdida ao longo das gerações expostas a sucessivos efeitos fundadores¹ e em poucas gerações aumentarão consideravelmente os índices de endogamia mediante relacionamentos consanguíneos.

O problema toma ainda outra dimensão quando se trata de espécies não avaliadas (NE) ou com dados insuficientes (DD) pois a exploração pode destruir o repositório genético da espécie antes mesmo que ela seja medida. Logo, estas duas categorias estão mais relacionadas às ações antrópicas atuais enquanto as demais representam cenários extensivamente estudados.

Para combater o declínio populacional das espécies utilizam-se estratégias de conservação *in situ* e *ex situ*, sendo que a primeira conta com medidas de proteção e recuperação dos habitats, resgates das espécies, reintrodução e suplementação, enquanto a estratégia *ex situ* realiza estudos sobre as espécies alvo, manejo genético e reprodução em cativeiro (TRIBE; BOOTH, 2003; ICMBio/MMA, 2018). Os programas de conservação *ex situ* permitem a proteção e recuperação de espécies, porém devem ser cuidadosamente planejados e implementados para funcionarem. A conservação *ex situ* é uma das opções para auxiliar a recuperação das espécies ameaçadas, os cenários e ferramentas dessa estratégia são muitos, podendo visar diferentes necessidades e papéis na conservação e, portanto, servir a vários propósitos (IUCN, 2014).

A conservação *in situ* foca na preservação dos ecossistemas, habitats naturais e espécies ameaçadas presentes na região alvo, assim sendo apenas possível para

¹ Efeito Fundador é o estabelecimento de uma nova população por uns poucos fundadores originais, que contêm somente uma pequena fração da variação genética total da população parental (Mayr, 1977).

espécies que possuem uma densidade significativa que possibilita realizarem as suas funções ecossistêmicas (SCHMITZ *et al.*, 2023). A criação de reservas naturais, parques nacionais e unidades de conservação é o ponto inicial dessa estratégia, permitindo realizar o manejo genético das populações em seu *habitat* (OFFORD, 2016; AJAYI, 2019). Importante destacar que as duas estratégias de conservação podem ser integradas, uma vez que os planos de *ex situ* podem ser utilizados para auxiliar em um melhor resultado na conservação *in situ* (IUCN, 2014).

1.1 CONSERVAÇÃO DA FAUNA NATIVA DO BRASIL

O Brasil é um país megadiverso, atualmente com mais de 50.300 espécies de plantas e pelo menos 125.251 espécies de animais reconhecidas; dessas já foram avaliadas 7.517 espécies da flora e 13.939 da fauna (BZG, 2023; IBGE, 2023; BFG, 2024), de acordo com a portaria do MMA nº 148, de 7 de junho de 2022, entre as espécies de fauna avaliadas 1.249 estão ameaçadas, sendo esse número elevado para 1.254 segundo a página dos [Planos de ação Nacional](#) do Instituto Chico Mendes de Conservação a Biodiversidade em 2024. A avaliação das espécies permite identificar as principais ameaças e em quais áreas devem ser focadas ações para o desenvolvimento de planos de conservação, resultando em uma manutenção compatível com atividades antrópicas, sabendo que diversos fatores antrópicos causam a degradação e perda de habitats. Como atividades antrópicas de consequências danosas ao ambiente destacam-se:

- Agropecuária e expansão urbana: influenciam diretamente os ambientes, ocupando o espaço dos habitats e diminuindo a qualidade dos à sua volta;
- Produção de energia: construção de barragens hidrelétricas e parques eólicos;
- Poluição: introdução de substâncias nocivas à saúde humana e de outros animais alterando de maneira significativa o equilíbrio dos ecossistemas;
- Caça/captura: pode acontecer por fins de consumo, como consequência do comportamento de animais domésticos e ou alimentada pelo tráfico de animais silvestres;

- Queimadas, mineração e turismo desordenado que são os principais fatores de pressão para as espécies continentais, de forma semelhante à fauna marinha que também é ameaçada por atividades antrópicas sendo a pesca/captura o principal fator de pressão, sem desatender os impactos causados pelas atividades que resultam na degradação do habitat, como a poluição, podendo ser química, física, biológica e sonora;
- Transportes marinhos que utilizam combustíveis poluentes e com a instalação de portos alterando os ambientes, além da introdução de espécies exóticas;
- Expansão urbana e turismo desordenado, relacionado a especulação imobiliária no litoral com a criação de marinas e casas de praia;
- Introdução de espécies exóticas e a mineração relacionada à exploração da camada de pré-sal (ICMBio/MMA, 2018).

Para proteger as espécies ameaçadas e os seus habitats no Brasil atualmente são utilizadas três estratégias: a primeira é a criação de unidades de conservação com o objetivo de preservar e recuperar esses ambientes, seguido das duas estratégias complementares desenvolvidas pelo Instituto Chico Mendes, tais como os Planos de Ação Nacional para a Conservação das Espécies Ameaçadas de Extinção (PAN), que priorizam ações para a conservação da biodiversidade e seus ambientes naturais, com objetivos determinados a serem realizados em um intervalo de tempo definido. Atualmente há 43 PANs em execução e das 1.254 espécies ameaçadas 1.022 já estão contempladas.

Os Planos de Redução de Impactos à Biodiversidade causados por Atividades Antrópicas (PRIM) visam uma abordagem para a conservação focando diretamente nos vetores identificados que ameaçam a biodiversidade, assim:

- Apontando as áreas biológicas sensíveis aos impactos antrópico;
- Produzindo informações para o planejamento e licenciamento ambiental;
- Desenvolvendo medidas para mitigar as pressões causadas pelas atividades econômicas sobre a biodiversidade, sem prejudicar os benefícios dessas atividades para a sociedade;
- Conferir harmonia entre as atividades humanas e a conservação da biodiversidade (ICMBio/MMA, 2018).

1.2 O PAPEL DOS ZOOLOGICOS NA CONSERVAÇÃO

Desde os primórdios da humanidade, animais são mantidos em cativeiro como símbolo de poder ou riqueza. Espécies ditas “exóticas” eram exibidas como demonstração de subjugação ao que não era possível possuir.

O registro de zoológico mais antigo do mundo é o Tiergarten Schönbrunn (<https://www.zoovienna.at/>), em Viena (Áustria), de 1752 que na época ficou muito conhecido em outros locais da Europa, que em seguida buscaram ter seus próprios espaços para exibição com intuito de “diversão”. Os zoológicos atendiam um público de visitantes que iam apenas para ver, um conceito que mudou a partir de 1806 quando foi criado um parque na Rússia cujo intuito principal era estudar os animais cientificamente, mas ainda passou muito tempo até que os zoológicos assumissem a preocupação com o bem-estar dos animais.

Recém em 2020 foram encerradas as atividades do Zoológico de Lujan, em Buenos Aires (Argentina) que tinha uma proposta polêmica de permitir que os visitantes entrassem nos minúsculos recintos dos grandes felinos para tirar fotos ou irritar os animais, atividade que dissimulava práticas antiéticas comprometendo tanto os animais quanto os visitantes. Do outro lado, também nos arredores de Buenos Aires o Bioparque Temaikén (www.temaiken.org.ar) recria diversos recintos de ambientes naturais onde se encontra uma grande variedade de animais e plantas. Pautado em conceitos modernos relaciona a manutenção da biodiversidade a ações educativas e de proteção aos ecossistemas autóctones. Reúne apenas animais nascidos em cativeiro e que não puderam ser reintroduzidos. Reproduz o habitat das espécies além de acolher animais de apreensão e fazer estudos sobre diferentes táxons.

No Brasil a implementação dos zoológicos é regida pela Lei 7.173 de 14 de agosto de 1983 que dispõe sobre o estabelecimento e funcionamento de jardins zoológicos e ainda vigente mesmo que apenas em 1989 tenha sido criado o IBAMA (Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis) que foi dissolvido em 2007 com a criação do ICMBio (Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade) pela Lei 11.516.

Instituições zoológicas atualmente devem cumprir as três grandes iniciativas do *World Zoo Conservation Strategy* (WZCS), que são 1) o suporte a conservação de

espécies ameaçadas e os seus ecossistemas naturais; 2) oferecer apoio e um espaço para aumentar o conhecimento científico para benefício da conservação; 3) promover o crescimento da conscientização pública e política em relação à conservação e das funções da instituição: estima-se que mais de 600 milhões de visitantes anualmente frequentam os zoológicos que são os locais para o primeiro, mais íntimo e extenso contato com animais silvestres para muitas pessoas (TRIBE; BOOTH, 2003).

A criação em cativeiro realizada por essas instituições é a ação inicial para garantir uma forma de combater a extinção das espécies, provendo uma população de indivíduos candidatos para planos de ação em conservação que visam a reintrodução dessas espécies na natureza (ZIPPEL *et al.*, 2011).

O *rewilding* (retorno à vida selvagem), uma abordagem progressiva de conservação da natureza, que através do aumento da biodiversidade desencadeia a regeneração do ambiente, das suas funções e serviços ecossistêmicos, resultando na melhora do armazenamento e captura natural do carbono, que auxilia no conjunto de soluções climáticas para atingir as metas do Acordo de Paris, sendo as de maior destaque: a redução da emissão de gases do efeito estufa e manter o aumento de temperatura média global abaixo de 2°C (GOVERNO DO BRASIL, 2021; SCHMITZ *et al.*, 2023).

Existem diversos trabalhos de *rewilding* publicados sobre animais da América do Sul, como o da Ararinha-azul (*Cyanopsitta spixii*). Um trabalho realizado por Purchase *et al.* (2024) que o último registro foi em 2000, sendo considerada até então extinta na natureza devido ao tráfico de animais silvestres e degradação do seu habitat devido a agricultura (<https://spixsmacaw.org/>). Esta espécie nativa da Caatinga teve seu [Plano de Ação Nacional](#) assinado em 2012, sendo um trabalho colaborativo entre governo, ONGs nacionais e internacionais, com uma taxa de sobrevivência acumulada de 58.3% dos indivíduos após um ano, assim como o trabalho realizado na Argentina pela fundação *Rewilding Argentina*, reintroduzindo espécies nativas como Tamanduá-bandeira (*Myrmecophaga tridactyla*) em 2007, Caititu (*Pecari tajacu*), Veado-campeiro (*Ozotoceros bezoarticus*) em 2015 e Anta (*Tapirus terrestris*) em 2017, gerando informações importantes para a conservação das espécies (MARTINO; DONADÍO; HEINONEN, 2023; MATA; BUITENWERF; SVENNING, 2021).

Além do importante destaque na conservação, os zoológicos também são relevantes na educação do público em relação à fauna silvestre, ensinando sobre a biologia, habitat e estado de conservação dos animais presentes, utilizando diferentes didáticas para atrair o interesse do público bem como facilitar a propagação da informação (HUTCHINS *et al.*, 2018). As melhores formas de educar o público são através de atividades de participação ativa, que envolvam os animais ou as que incentivam a conexão emocional dos visitantes com os animais (MIRANDA *et al.*, 2022). Na atualidade as mídias podem ter um papel importante no despertar do interesse do público em se informar sobre espécies ameaçadas, a visitar zoológicos e apoiar programas de conservação (FUKANO; TANAKA; SOGA, 2020). Nos casos de um aumento de visitantes, as instituições devem se atentar no planejamento de estratégias para preservar a integridade dos animais, mitigando o estresse e possível desenvolvimento de zoocose, comportamento anormal que pode surgir em animais que estão em cativeiro (ROSE; NASH; RILEY, 2017).

Existem outras instituições que abrigam e cuidam de animais silvestres, como os santuários, que oferecem cuidados permanentes a animais resgatados. Providenciando um local seguro para que os animais possam viver, priorizando o bem-estar e com o objetivo de educar o público através de atividades interativas e que permitam a proximidade aos animais. Os santuários oferecem visitas guiadas, oportunidades de trabalhos voluntários e visam a educação focando no respeito e compaixão aos seres vivos, e o nosso papel na proteção do meio ambiente, para preservar as espécies que coexistem com os seres humanos (MUKHERJEE & MUKHERJEE, 2023).

1.3 A GENÉTICA NA CONSERVAÇÃO

A Biologia da Conservação é a aplicação das ciências para resolução de problemas de manutenção de variabilidade e das espécies. Sendo uma disciplina multidisciplinar, descreve pesquisas sobre ecologia, comportamento, taxonomia, evolução e distribuição das espécies e visa reduzir, combater e resolver problemas ambientais. Surgida no começo dos anos 1970 é uma disciplina de crise pois suas ações estão sempre um passo atrás de estados avançados de desequilíbrio da biodiversidade (KAREIVA, 2012).

Quando as técnicas de genética molecular são aplicadas surge a Genética da Conservação que envolve análises evolutivas para a manutenção a longo prazo da preservação de espécies e populações (FRANKHAN, 2010). Segue cinco princípios básicos que enunciam que 1) todas as espécies e populações devem ser preservadas, 2) todas as espécies possuem história evolutiva, 3) a sociedade é responsável pela proteção do ambiente, 4) o valor da natureza deve ser maior que das atividades econômicas e 5) a biodiversidade permite reconstruir a história da vida *per se*.

A manutenção da biodiversidade através da genética engloba a variedade de alelos e genótipos da espécie em consideração. Em termos populacionais, evolução é a alteração de frequências alélicas e genotípicas, que na Genética de Populações clássica só pode ser alterada por mutação (que gera novidade), migração (que dispersa novidades), seleção natural (que define critérios) e a deriva genética (que altera frequências aleatoriamente) (HARTL & CLARK, 2010).

Com o enfoque em utilizar populações cativas para a reprodução das espécies ameaçadas com fins de reintrodução na natureza e desenvolvimento de programas de conservação *ex situ*, é de extrema importância estudar e avaliar os indivíduos que compõem cada população, considerando as suas limitações: baixa abundância e a provável descendência de poucos fundadores, estes fatores influenciam negativamente na variabilidade genética da população, um fator importante para garantir a prosperidade e sobrevivência da população na natureza (AYALA-BURBANO *et al.*, 2020). Nesses casos é importante a realização de manejos genéticos para acompanhar os planos de reprodução dessas populações, selecionando os pares compatíveis e diminuindo as chances de endogamia (FIENIEG; GALBUSERA, 2013). Ferramentas

aplicadas para verificar índices de diversidade genética permitem conhecer as espécies e populações² alvo em um estudo, de forma que uma boa representação do cenário mais próximo do real direcione o melhor plano para a sua conservação. Através de marcadores moleculares genéticos é possível estabelecer a estrutura genética de uma população, avaliar taxonomias e filogenias, identificar os indivíduos fundadores/reprodutores de populações parentais, avaliar o grau de parentesco e diferenciar indivíduos machos e fêmeas quando não há dimorfismo sexual morfologicamente evidente por diversos motivos (espécie específico, idade do indivíduo). No caso da análise de parentesco de indivíduos de uma população é possível utilizar marcadores moleculares como DNA mitocondrial (mtDNA), *Single nucleotide Polymorphism* (SNPs) e microssatélites (STR), sendo a escolha do marcador de acordo com o objetivo do trabalho (ARIF *et. al*, 2011).

Em um estudo realizado por Modesto *et al.* (2018) os autores estudaram uma população cativa de 56 pinguins africanos (*Spheniscus demersus*) utilizando marcadores dos microssatélites, DNA mitocondrial e do *chromo-helicase-DNA-binding* (CHD) e puderam identificar o parentesco dos indivíduos da população, possíveis indivíduos híbridos na população e a confirmação do sexo de cada indivíduo, onde 30 eram desconhecidos até o momento. As informações coletadas no estudo permitiram aos cuidadores manejar a população garantindo que a variabilidade genética da população cativa de pinguins pudesse ser minimamente resgatada.

Estes métodos também podem ser utilizados para estudar geneticamente populações naturais, sua estrutura de acasalamento e obter informações comportamentais das espécies, como no estudo realizado por Miño *et al.* (2011), onde foram realizadas análises de parentesco em populações de três espécies de aves aquáticas, Cabeça-seca (*Mycteria americana*, Linnaeus, 1758), Colhereiro-americano (*Platalea ajaja*, Linnaeus, 1758) e Garça-branca-grande (*Ardea alba egretta*, Gmelin 1789), das quais não haviam informações parentais. Foram utilizadas diferentes formas de coleta para o material genético, como a coleta sanguínea da prole jovem em seus

² Apesar de diferentes conceitos que possam ser atribuídos, neste parágrafo o termo “população” está sendo utilizado para designar diferentes grupos de indivíduos da mesma espécie.

ninhos e de penas. Com os dados coletados foi possível identificar monogamia genética em todas as populações estudadas, além de comportamentos como nidoparasitismo coespecífico nas populações de Cabeça-seca e Colhereiro-americano, com a última apresentando evidência genética de cópula extra-par.

A coleta dessas informações é de extrema importância para entender as espécies nativas, possibilitando a criação do melhor plano de conservação possível para cada espécie, entendendo as suas interações na natureza permitindo planos de conservação *ex situ* para reintroduzir mais de uma espécie ameaçada por vez, como no caso do estudo realizado por Purchase *et al.* (2024) que realizou a reintrodução da Ararinha-azul (*Cyanopsitta spixii*) acompanhada do Maracanã-verdadeiro (*Primolius maracana*).

Trabalhos de fiscalização também podem se beneficiar com a utilização das ferramentas genéticas, utilizando as técnicas de *DNA barcode* para a identificação de espécies ameaçadas encontradas em apreensões realizadas em operações contra o tráfico da fauna e em atividades econômicas onde a identificação da espécie é realizada de forma errônea, como no trabalho realizado por Staffen & Staffen *et al.* (2017), em um levantamento realizado em mercados de peixes e restaurantes japoneses, identificando fraudes de mercadoria, onde espécies ameaçadas estavam sendo vendidas utilizando o nome de outras espécies ou espécies de menor valor comercial.

1.4 A PRODUÇÃO E ARMAZENAMENTO DE DADOS BIOLÓGICOS

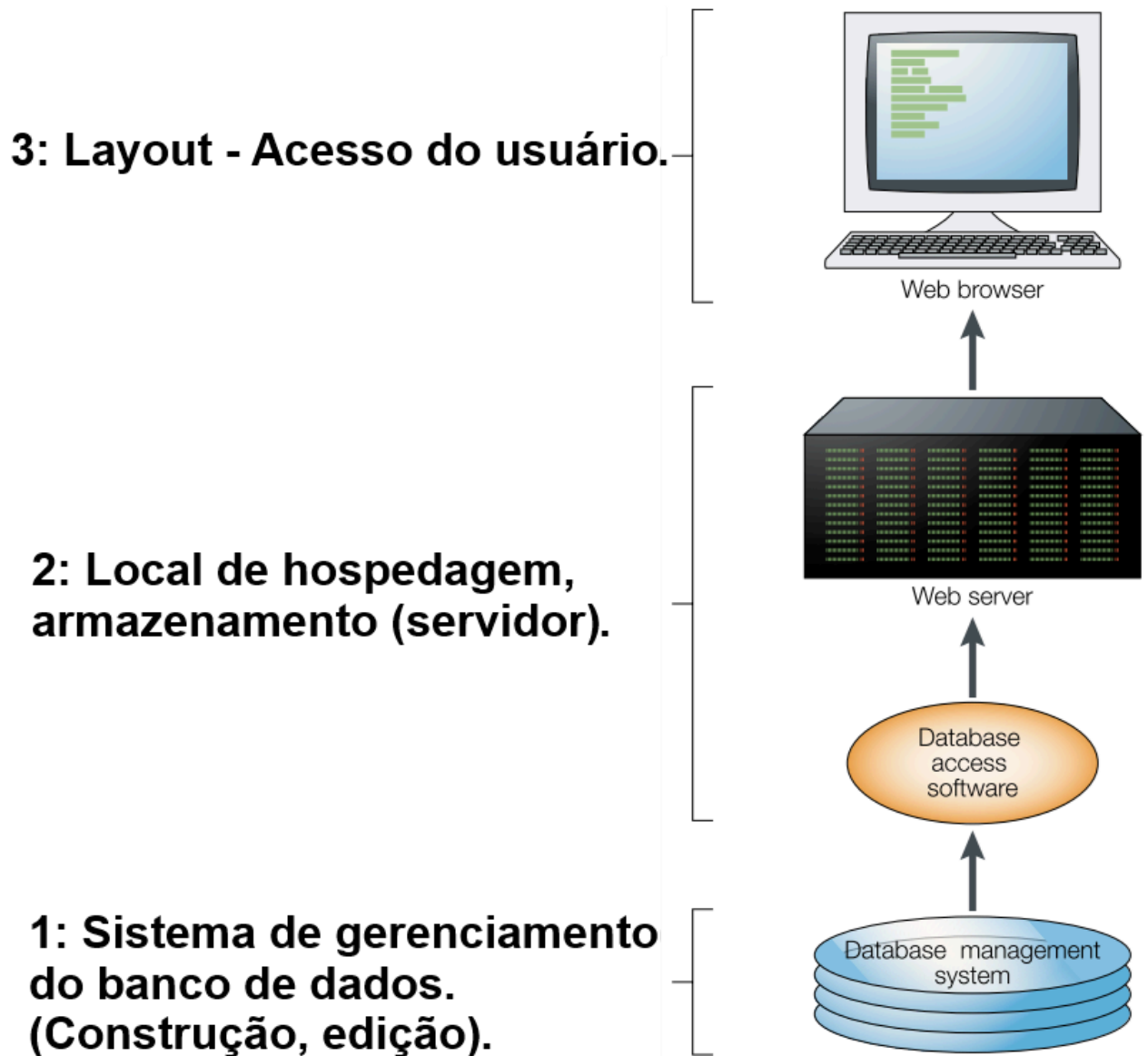
Estudos genéticos geram grandes quantidades de dados brutos que devem ser analisados com o auxílio de ferramentas de bioinformática, uma vez que é fundamental que esses dados sejam organizados de forma objetiva (XIA; MCCLELLAND; WANG, 2010).

A organização de dados biológicos envolve formatos heterogêneos produzidos em quantidades exorbitantes, onde o volume de dados produzidos por sequenciamentos genéticos totais ou parciais dobra a cada sete meses. A maioria dos dados brutos de sequenciamentos são depositados no *Sequence Read Archive* (SRA)

que é mantido pelo NIH/NCBI (*National Institutes of Health/ National Center for Biotechnology Information*) e suas contrapartes internacionais. O SRA possui cerca de 3.6 pentabases de dados de sequências brutas, que representam aproximadamente 32.000 genomas microbianos, 5.000 genomas de plantas e animais, e 250.000 genomas humanos individuais que foram sequenciados ou estão em andamento até o momento (STEPHENS *et al.*, 2015).

Os dados oriundos de estudos genéticos são armazenados em bancos de dados (BD) sustentados pelas entidades de pesquisas. Um BD é uma coleção de informações registradas e que possuem significado implícito, podendo ser relacionadas com as outras presentes na coleção, permitindo que as informações sejam recuperadas facilmente através de uma variedade de critérios de pesquisa. Os dois principais tipos de bancos de dados são os bancos de dados relacionais (BDR) e os bancos de dados não relacionais (NoSQL). Os BDR possuem seus dados organizados em tabelas, onde cada tabela é chamada de 'Entidade', compostas por suas colunas 'atributo' e linhas 'tuplas', e a comunicação entre as informações de duas tabelas é chamada de 'relação', sendo uma boa opção para trabalhar com dados normalizados e evitar redundância. Os BD NoSQL são todos os que utilizam dados de forma não tabelar e linguagens diferentes da *Structured Query Language* (SQL), estes possuem um formato flexível que permite uma melhor performance na análise dos dados, menos exigência dos *Hardwares* (menor custo), alta escalabilidade para lidar com grandes quantidades de dados. Para consultar, organizar, processar e acessar dados, utiliza-se programas denominados de Sistemas de Gerenciamento de Banco de Dados (SGBD), nestes sistemas estão os registros de dados e todas as instruções de operação para identificar e conectar esses registros (Figura 2), além de permitir a manipulação e compartilhamento de dados entre os usuários. O modelo mais utilizado de SGBD são os BDR (banco de dados com estrutura relacional ou Banco de Dados Relacional), facilitando o arquivamento e análise entre diversas tabelas de dados criadas ao longo do tempo por um grupo de pesquisa (STEIN, 2003; ELMASRI; NAVATHE, 2005; SCHULZ *et al.*, 2016; PEARSON; MACKEY, 2017).

Figura 2 – Estrutura de um Banco de Dados



Fonte: Stein (2003)

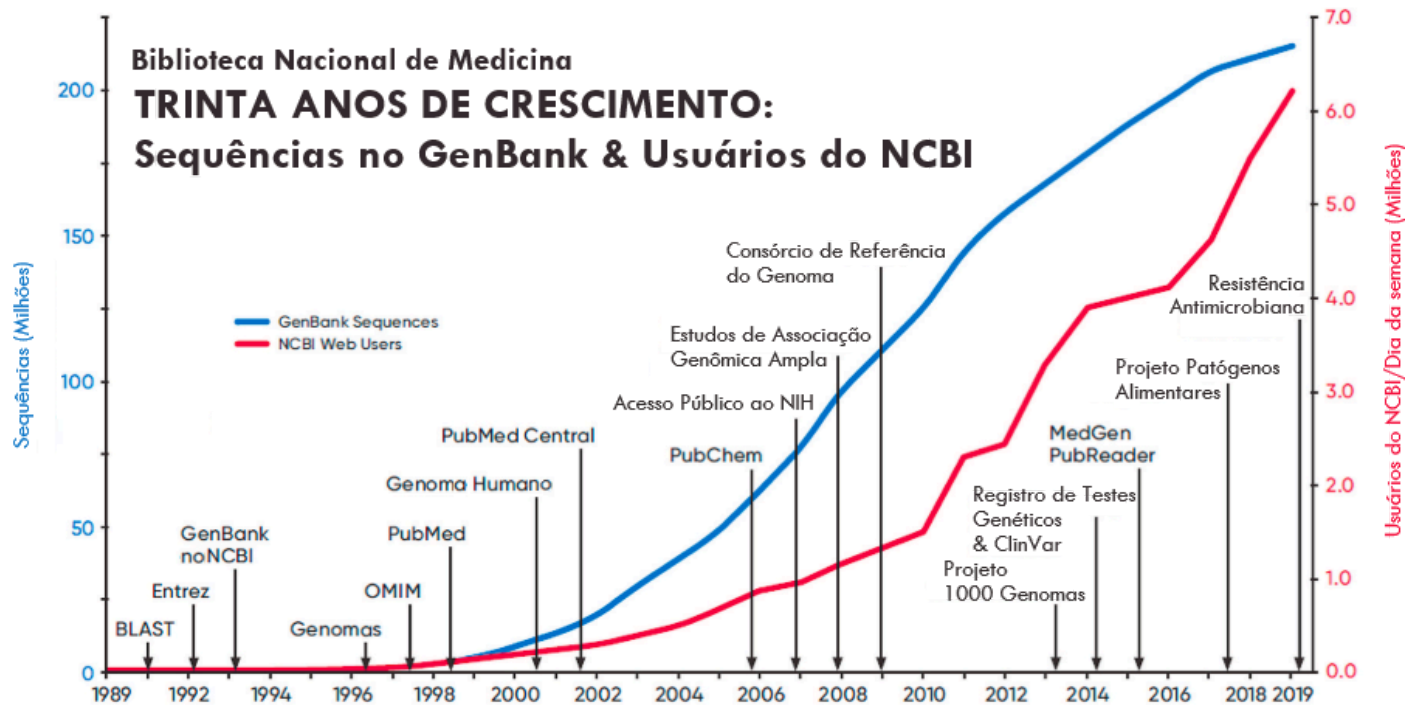
Legenda: Estrutura dividida em três camadas: 1) É o sistema de gerenciamento de banco de dados; 2) O local (servidor), onde são armazenados os dados; 3) Representa a interface gráfica para o usuário do BD realizar as suas consultas e gerar relatórios das pesquisas efetuadas.

Bancos de dados biológicos podem ser divididos em três categorias: Bancos de dados primários, secundários e especializados. O SRA, citado anteriormente é um exemplo de bancos de dados primários, estes contêm os dados biológicos originais, como as sequências brutas de ácidos nucleicos. Outros exemplos desta categoria são o GenBank, o *European Nucleotide Archive* (ENA) mantido pela *European Bioinformatics Institute* (EMBL) e o *DNA Data Bank of Japan* (DDBJ). Estes três bancos de dados

colaboram entre si através da iniciativa do *International Nucleotide Sequence Database Collaboration* (INSDC), que visa o acesso livre e irrestrito a essas informações, para que cientistas do mundo todo possam utilizá-las para planejar experimentos e realizar análises. Bancos de dados secundários focam em informações processadas a partir dos dados originais, como sequências de proteínas e suas funções. PROSITE (<https://prosite.expasy.org/>) é um exemplo de banco de dados biológicos secundários, oferecendo informações sobre domínios proteicos, famílias e regiões funcionais das proteínas. Por fim, os bancos de dados especializados que investigam um organismo, como Flybase (<https://flybase.org/>), focado em genética e biologia molecular de *Drosophila spp.* (XIONG, 2006).

O acesso gratuito e irrestrito aos bancos de dados biológicos permite que cientistas do mundo todo possam colaborar com o avanço da ciência e tecnologia. Após a finalização do projeto genoma humano houve um aumento exponencial no número de usuários e de sequências registradas no GenBank (Figura 3), atualmente com mais de 7.72 trilhões de bases registradas de 450.000 espécies. O crescimento ao acesso deste tipo de informação representa uma pequena parcela da importância do acesso livre aos dados no meio científico, o rápido desenvolvimento dos testes de diagnóstico para a SARS-CoV-2 é um exemplo prático do benefício da acessibilidade bancos de dados biológicos (GAFFNEY *et al.*, 2020; SAYERS *et al.*, 2020; SHERIDAN, 2020).

Figura 3 - Crescimento de sequências submetidas ao GenBank e usuários do NCBI



Fonte: Adaptado de Gaffney (2020).

A criação de um banco de dados relacional pode ser realizada com o auxílio de programas SGBD como *MySQL Workbench*, realizando as *queries* (consultas através de comandos na linguagem SQL que servem para recuperar dados de uma tabela) como filtros que facilitam a consulta e a relação de informações relevantes. Visando um banco de dados para instituições de abrigo de animais silvestres, podemos pensar nas seguintes informações sobre os espécimes cadastrados: local de origem, número da anilha (quando disponível), mortalidade de neonatos e juvenis, efeito de ninhada, parentesco, equivalentes letais, valor reprodutivo, variância fenotípica e de componentes, herdabilidade, repetibilidade de medidas em um mesmo indivíduo, correlação fenotípica entre parentais e valores estimados de acasalamento, assim facilitando a consulta e formação de pares reprodutivos entre as instituições participantes do projeto, para auxiliar em programas de reintrodução de indivíduos em

populações potencialmente ativas na natureza e visando diminuir a formação de populações endogâmicas.

2 JUSTIFICATIVA

Dada a constante ameaça que as espécies silvestres têm sido submetidas, é importante lembrar que a ausência de uma espécie nativa é tão prejudicial quanto a presença de uma espécie invasora e este equilíbrio precisa ser mantido para as espécies em questão e toda a fauna, flora e funga associada. Promover a reintrodução de espécies é um processo demorado e deve ser previamente planejado, pois as atividades de soltura podem não ser imediatas uma vez que requerem, além dos próprios animais, a estrutura de habitat e reestruturação de outras populações naturais. Este tipo de projeto enfrenta o maior desafio em sua própria necessidade de fornecer elementos para que as populações consigam se desenvolver autonomamente e demanda muito mais que identificação de variabilidade genética dos animais, mas também campanhas de educação ambiental, desenvolvimento de políticas públicas de manutenção de áreas protegidas. Diversos zoológicos mantêm populações de muitas espécies ameaçadas e conhecer geneticamente estes indivíduos é fundamental para o planejamento de um programa de reprodução, soltura e repovoamentos de espécies ameaçadas, permitindo que as populações consigam sobreviver a longo prazo sem as consequências da endogamia.

A criação de um banco de dados para consulta dos dados produzidos pelo grupo de pesquisa em genética populacional e forense, e as instituições parceira, possibilitará a consulta dos dados para eventuais atualizações dos trabalhos de fiscalização além de preparar uma ferramenta a ser utilizada em projetos futuros de conservação *ex situ*, possibilitando a catalogação de indivíduos de populações cativas permitindo a consulta para visualizar quais seres da mesma espécie formam os melhores pares reprodutivos, facilitando a comunicação entre as instituições participantes para a organização destes pares, caso os indivíduos estejam localizados em regiões diferentes.

A escolha de desenvolver o DRAGOA na forma de banco de dados relacional foi definida pelo fato dos dados dos projetos já concluídos e de colaboradores, estarem armazenados em tabelas de Excel® e serem dados não redundantes.

A hipótese é que, a criação do banco de dados biológico, facilitará a consulta dos dados gerados nos trabalhos do laboratório e de parceiros, permitindo uma facilidade de acesso aos dados que podem auxiliar no desenvolvimento de projetos futuros, de

fiscalização e de conservação e reprodução de populações cativas. O manejo das populações utilizando as informações genéticas, geram indivíduos saudáveis e exogâmicos, aumentando as chances de sobrevivência da espécie estudada após a sua reintrodução no habitat natural.

3 OBJETIVOS

3.1 OBJETIVO GERAL

Estruturar um banco de dados biológicos contendo as informações coletadas dos projetos realizados pelo grupo de pesquisa em Genética Populacional e Forense da Universidade Federal de Santa Catarina, visando organizar dados que serão utilizados em programas de conservação de espécies.

3.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- a) Organizar e armazenar os dados produzidos anteriormente pelo grupo de pesquisa;
- b) Realizar o levantamento de requisitos por meio de revisão sistemática da literatura e prospecção tecnológica para garantir a adequação do banco de dados às necessidades de conservação biológica;
- c) Aplicar o *Design Thinking* no desenvolvimento de um trabalho de ciências biológicas;
- d) Testar a versão inicial do DRAGOA.

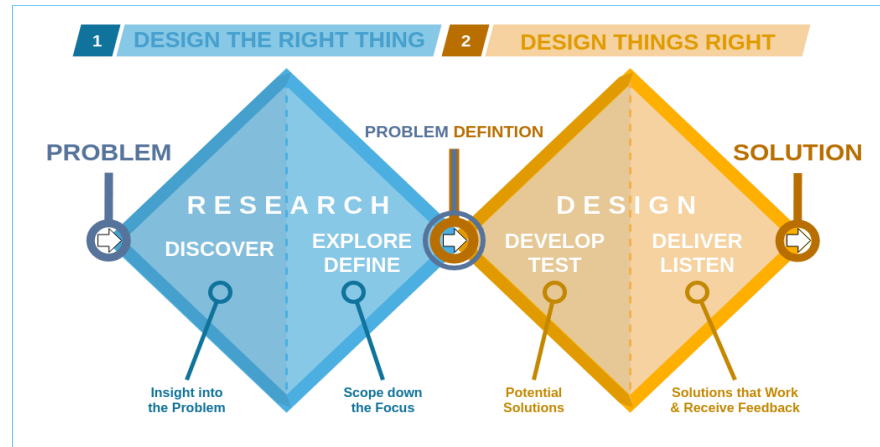
4 MATERIAL E MÉTODOS

4.1 TIPO DE ESTUDO

Uma pesquisa tecnológica pode ser compreendida como campo do conhecimento relativo à criação de um novo artefato, que possui como desafios a factibilidade, a confiabilidade, a eficiência e a relação custo-benefício, possui como propósito o conhecimento prático em que seus dados e a sua construção leva em conta as exigências técnicas, econômicas e culturais que este artefato deve satisfazer (CUPANI, 2006). Este estudo foi utilizado como base para criar um banco de dados biológicos utilizando o software MySQL *Workbench* hospedado em um servidor com acesso restrito a usuários cadastrados, para armazenar, organizar e compartilhar dados coletados por projetos do grupo de pesquisa em Genética Populacional e Forense, visando à conservação de espécies.

Para a realização desse estudo e o alcance dos objetivos propostos, foram utilizados diferentes métodos de pesquisa. Assim, o processo de construção do Protótipo do “DRAGOA” foi sistematizado com o uso do método de desenvolvimento o *Double Diamond*, que faz parte de *Design Thinking* e trabalha quatro etapas de desenvolvimento de produto (Figura 4), A metodologia do *Double Diamond*, apresenta em seu formato dois losangos (diamantes) circunspectos por um período de divergência e na sequência por um de convergente, ocorrendo duas vezes, tornando a metodologia não linear e flexível, permitindo ao pesquisador voltar nas etapas anteriores e ir modificando o projeto conforme a necessidade da demanda (DUBBERLY, 2008).

Figura 4 – Representação gráfica do método de desenvolvimento *Double Diamond*



fonte: [Martin Treiber](#) (2022)

4.2 ETAPA 1 – DESCOBERTA

Nesta etapa foi realizada uma Prospecção Tecnológica e Revisão Integrativa para levantar os requisitos necessários para a construção do produto. A Prospecção Tecnológica é um processo que visa identificar tecnologias emergentes e analisar fatores que possam representar oportunidades ou ameaças (TOURINHO *et al.*, 2022; TEIXEIRA, 2013). Esse processo auxilia na tomada de decisões ao explorar novas soluções tecnológicas que atendam às demandas de um campo específico, como a genética. Neste trabalho o foco da prospecção tecnológica foi identificar sistemas de informática e ferramentas digitais que respondam demandas da genética de populações, visando facilitar pesquisas e o armazenamento de dados genéticos. Para isso, seguiu-se um conjunto de etapas sugeridas pela literatura (PETERS *et al.*, 2020), que incluíram:

1. Definição de perguntas e objetivos da busca, como a investigação de sistemas voltados à genética;
2. Estabelecimento de critérios de inclusão e exclusão;
3. Definição de estratégias de busca específicas;
4. Busca em repositórios do Instituto Nacional da Propriedade Industrial (INPI) e Instituto Europeu de Patentes (EPO);

5. Seleção e categorização dos sistemas encontrados;
6. Análise dos dados coletados;
7. Apresentação dos resultados;
8. Reflexão sobre as implicações dos dados analisados.

As etapas foram desenvolvidas de acordo com os padrões recomendados pelo PRISMA-ScR (TRICCO *et al.*, 2018), que guia revisões sistemáticas e prospecções tecnológicas com rigor metodológico. O objetivo principal desta prospecção foi investigar sistemas de garimpagem de dados biológicos aplicáveis à Genética de Populações com foco naqueles que auxiliam no armazenamento e processamento de dados biológicos para fins de pesquisa. As perguntas orientadoras foram: **Quais sistemas de informática foram desenvolvidos para armazenar e processar dados genéticos?**

Os critérios de inclusão abrangeram sistemas e tecnologias (incluindo propriedades intelectuais/patentes e plataformas web) voltados para a genética de populações, disponíveis nas plataformas de propriedade intelectual do Brasil (INPI) e da Europa (EPO), e sistemas web. Os critérios de exclusão envolveram sistemas que não estavam disponíveis em português, inglês ou espanhol, aqueles sem relação direta com a genética, sistemas duplicados nas plataformas analisadas, sistemas sem descrição técnica detalhada, tecnologias voltadas exclusivamente para fins comerciais ou agrícolas sem relação com conservação.

Antes da etapa de busca, o protocolo de prospecção foi validado pela orientadora e também por uma pesquisadora do grupo de pesquisa do Laboratório de Investigação do Cuidado, Segurança do Paciente e Inovação Tecnológica em Enfermagem e Saúde LABTESP da Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), considerando os objetivos do estudo e as estratégias de busca. A busca pelos sistemas foi realizada no período de 01 de março a 31 de maio de 2024, utilizando termos livres e específicos, incluindo: **Genética, Biologia Molecular, Bioinformática, Análise Genética e Dados Biológicos.** (Apêndice A)

Os resultados obtidos foram tabulados para uma análise qualitativa comparativa, focando nas funcionalidades oferecidas pelos sistemas, suas potencialidades e limitações no contexto da genética. Os resultados foram apresentados em formato descritivo, acompanhados de figuras que ilustram as características dos sistemas identificados.

4.2.2 Revisão integrativa

Foi adotada a metodologia de revisão integrativa devido à sua capacidade de proporcionar uma compreensão ampla sobre temas científicos, permitindo a inclusão de estudos com diferentes abordagens metodológicas. Essa flexibilidade é crucial para subsidiar a tomada de decisões e a formulação de políticas, especialmente em áreas complexas como a bioinformática aplicada à genética (WHITTEMORE; KNAFL, 2005).

As etapas desta revisão integrativa (Apêndice B) seguiram um processo sistematizado, que incluiu: a identificação da questão de pesquisa, a busca na literatura, a seleção dos estudos, análise dos dados coletados, e a síntese e apresentação dos resultados.

Estratégia de Busca: para a formulação da pergunta de pesquisa e a condução da busca, utilizou-se a estratégia SPIDER, uma abordagem reconhecida por ser mais adequada na identificação de estudos quantitativos e tecnológicos, superando limitações da estratégia PICO (COOKE; SMITH; BOOTH, 2012). A sigla SPIDER compreende os seguintes elementos: S (*sample* - amostra), PI (*phenomenon of interest* - fenômeno de interesse), D (*design* - delineamento do estudo), E (*evaluation* - desfecho) e R (*research type* - tipo de pesquisa).

No quadro abaixo, são apresentados os termos de busca usados na revisão, que foram selecionados com base em descritores controlados (MeSH), operadores booleanos (AND/OR) e as chaves de busca: [S AND PI] AND [(D OR E) OR R].

Quadro 1 – Representação da busca pela estratégia SPIDER

SPIDER	Termos de Busca
S	“Genetic data interpretation” OR “bioinformatics systems”
PI	“data analysis” OR “genomics”
D	“case studies” OR “algorithms” OR “computational tools”
E	“biological data” OR “genetic variation”
R	“quantitative research” OR “technological study”

Fonte: Autor

A busca foi realizada nas bases de dados google scholar, PUBMED, *Web of Science* e outras fontes relevantes, abrangendo publicações de 2012 a 2023. A escolha desse período deve-se ao avanço significativo no campo da bioinformática e à criação de novas ferramentas de análise genética.

A inclusão de estudos foi feita com base em artigos originais em português, inglês ou espanhol, com texto completo disponível e que tratassem de temas relacionados à bioinformática aplicada à genética.

Os critérios de exclusão englobam estudos publicados em idiomas diferentes de português, inglês ou espanhol, revisões de literatura, dissertações, teses, livros, capítulos de livros e artigos que não correspondem ao tema central da revisão.

Organização dos Resultados

A seleção e organização dos estudos seguiu os princípios metodológicos propostos pelo PRISMA (*Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses*), com o objetivo de garantir o rigor e transparência na condução da revisão (LIBERATI *et al.*, 2009). O software Mendeley® foi utilizado para o armazenamento e gestão dos artigos identificados.

Análise e Síntese dos Dados

A análise dos dados foi realizada utilizando-se a técnica de análise de conteúdo temática (BARDIN, 2011). As etapas incluíram a pré-análise, que envolveu a leitura dos títulos e resumos para triagem inicial, seguida pela exploração aprofundada dos artigos selecionados, e, finalmente, a categorização dos dados relevantes.

Durante a exploração dos materiais, os artigos foram revisados minuciosamente, e aqueles que atendiam aos critérios foram incluídos na amostra final. Os dados foram então organizados em categorias temáticas, agrupando informações relevantes sobre sistemas de bioinformática e métodos de interpretação de dados genéticos. A fase de interpretação envolveu a confrontação dos achados com a literatura existente, permitindo a elaboração de quadros para consolidar os resultados.

4.3 ETAPA 2 – DEFINIÇÃO

A partir deste ponto onde foram levantados os principais requisitos para compor o banco de dados foi iniciada a etapa de definição (*Define*), onde para construção do banco de dados relacional foi utilizado o software MySQL *Workbench*.

4.4 ETAPA 3 – DESENVOLVIMENTO

Nesta etapa (*Development*) foi realizada a prototipação, com o desenvolvimento do código do banco de dados e solicitado a hospedagem em um servidor com acesso restrito a usuários cadastrados.

4.4.1 Criação do banco de dados

4.4.1.1 Planejamento da estrutura do banco de dados

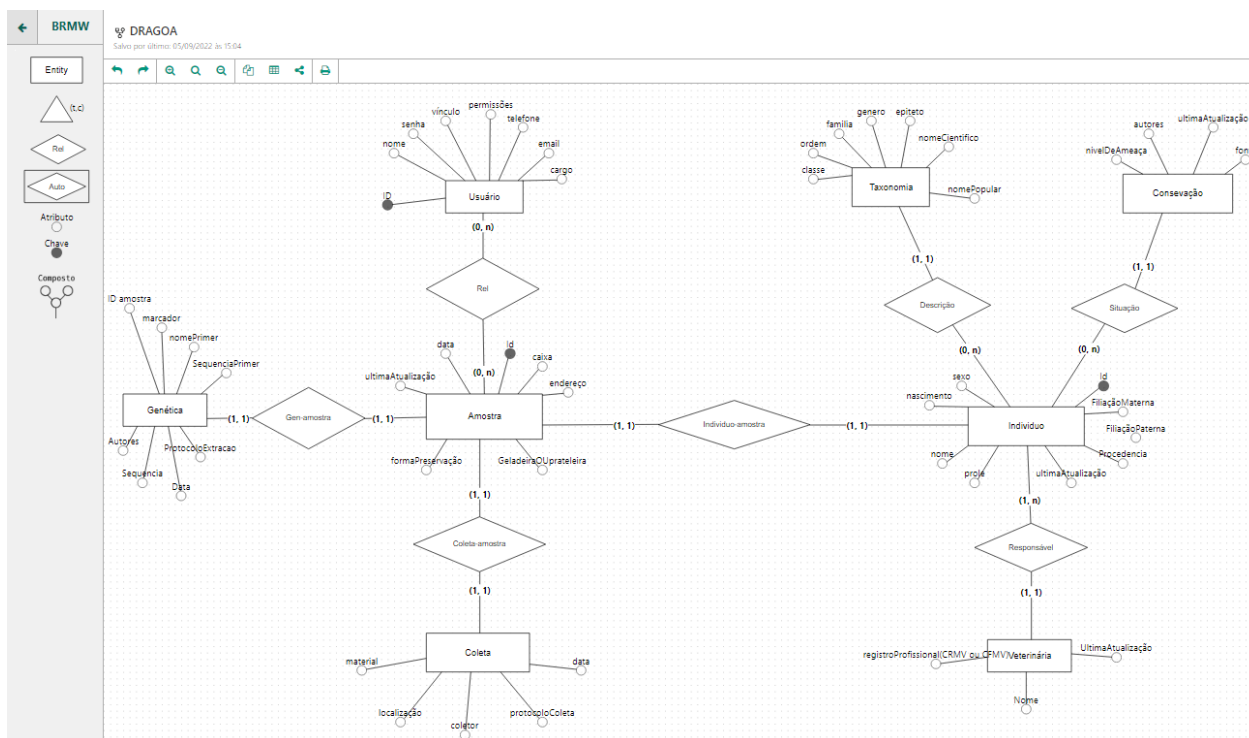
O esquema inicial da Entidade Relacional (ER) do Banco de Dados (BD) foi realizado utilizando a plataforma [BR Modelo Web](#) (Figura 5), criando uma estrutura que acomodasse e relacionasse as informações consideradas importantes para a

criação do BD com as funcionalidades desejadas. Com a ideia do acrônimo **DRAGOA** (**D**atabase **R**egister of **A**ctivities by **G**enetic diversity **O**f **A**nimals) as informações definidas foram selecionadas para criar as entidades (como uma tabela intitulada) e os seus atributos (as informações contidas na entidade), sendo definidas como:

- **Usuário:** Id (Identificador único), Nome, Senha, Vínculo, Permissões, Telefone, Email, Cargo;
- **Amostra:** Id, Projeto, Material (sangue, pena, pelo, etc), Forma de Preservação, Endereço, Data (da coleta ou recebimento);
- **Genética:** Marcador utilizado para análise, Nome do *primer*, Sequência do *primer* utilizado, Autores do *primer*, Protocolo de extração, Sequência obtida, data, Id da amostra;
- **Coleta:** Material, Local da coleta, Coletor, Protocolo de coleta, Data;
- **Indivíduo:** Id, Sexo, Nascimento, Nome, Mãe, Pai, Prole, Procedência (nome da instituição responsável pelo animal);
- **Veterinário:** CRMV/Id, nome do responsável;
- **Taxonomia:** Classe, Ordem, Família, Gênero, Epíteto específico, Nome científico (completo), Nome popular;
- **Conservação:** Status, Autores, Fonte (IUCN, ICMBio/MMA).

O Banco de dados é estruturado de forma que as entidades se relacionam entre si, criando informações complementares baseadas nos parâmetros estabelecidos no momento da consulta.

Figura 5 – Esquema inicial da Entidade Relacionamento realizada na plataforma BR Modelo Web.

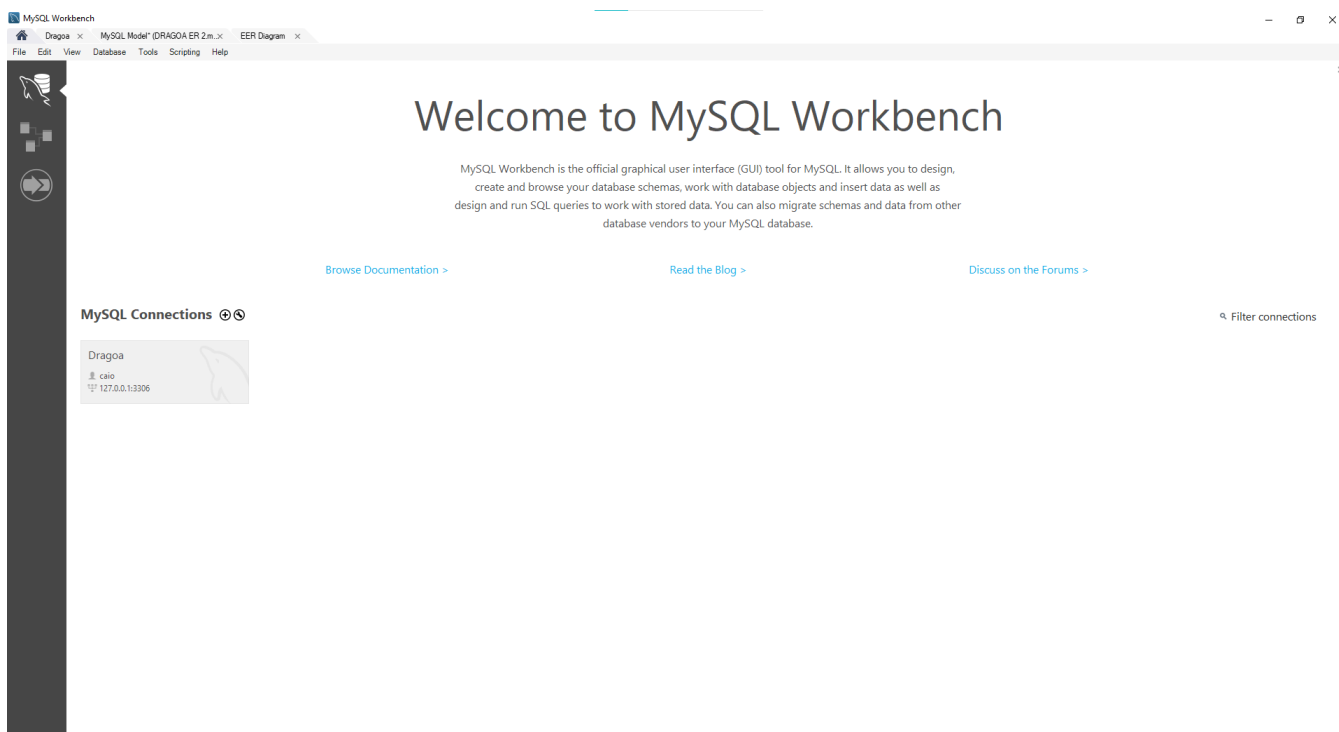


Fonte: Autor.

4.4.2 Programação e edição

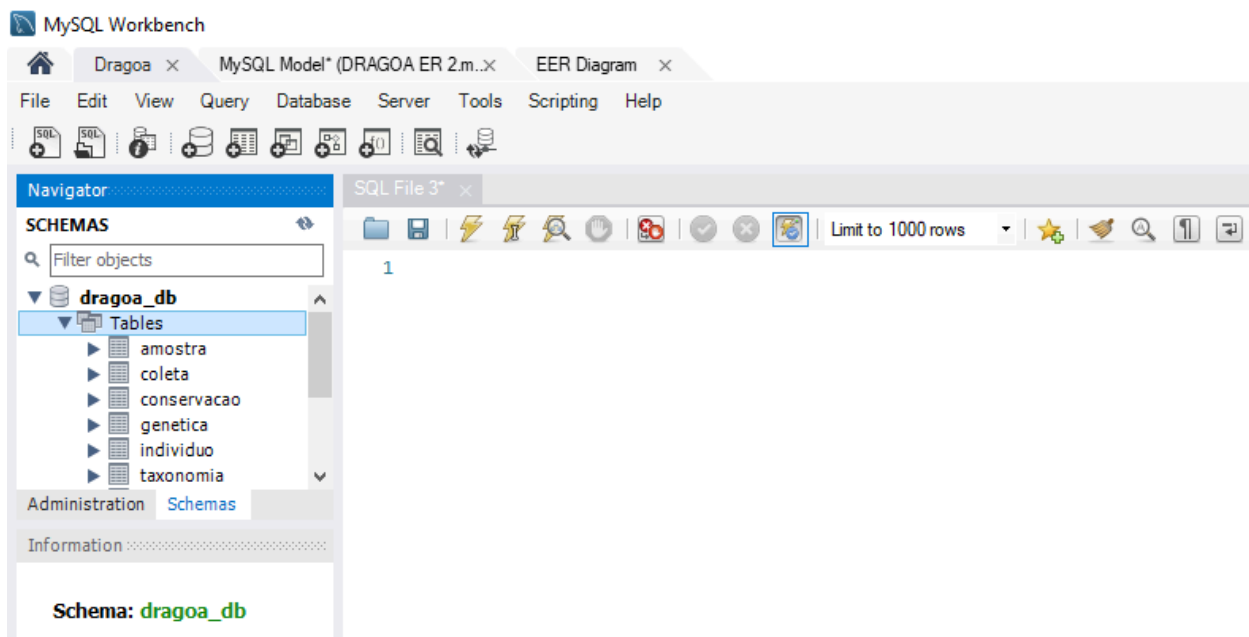
Para construir o BDB após o planejamento e esboço da estrutura relacional foi utilizada a linguagem de programação SQL (do inglês *Structured Query Language*) com auxílio do *software* MySQL Workbench, que possui uma interface gráfica facilitando a construção do banco de dados e possibilitando a criação da estrutura gráfica do ER com funções de engenharia reversa para obter o código relativo a ER projetada, além de possuir funções de SGBD (Apêndice C), permitindo a inclusão do servidor do banco de dados no próprio programa (Figura 6), e possibilitando que edições e atualizações sejam realizadas na sua interface gráfica (Figura 7).

Figura 6 – Tela inicial de conexão aos servidores registrados no *MySQL Workbench*.



Fonte: Autor.

Figura 7 – Acesso ao servidor através do *MySQL Workbench*.



Fonte: Autor.

4.5 ETAPA 4 – ENTREGA

Nesta etapa (*Delivery*) foi realizada a testagem do “DRAGOA” com o uso de dados gerados pelo Grupo de Pesquisa em Genética Populacional e Forense.

4.5.1 Dados testados

Os dados selecionados para serem populados no banco de dados são de trabalhos já desenvolvidos ou em desenvolvimento pelos integrantes do Grupo de Pesquisa em Genética Populacional e Forense, sendo os primeiros disponíveis realizados por Staffen (2015a) analisando pescados comercializados em restaurantes de culinária japonesa e Staffen (2015b) que analisa amostras de pescados comercializados em peixarias, trabalhos vinculados ao Projeto Gato por Lebre, com o objetivo de identificar fraudes comerciais, alertando a população sobre a veracidade dos pescados e as instituições responsáveis de criar medidas protetivas para as espécies ameaçadas que são comercializadas erroneamente.

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

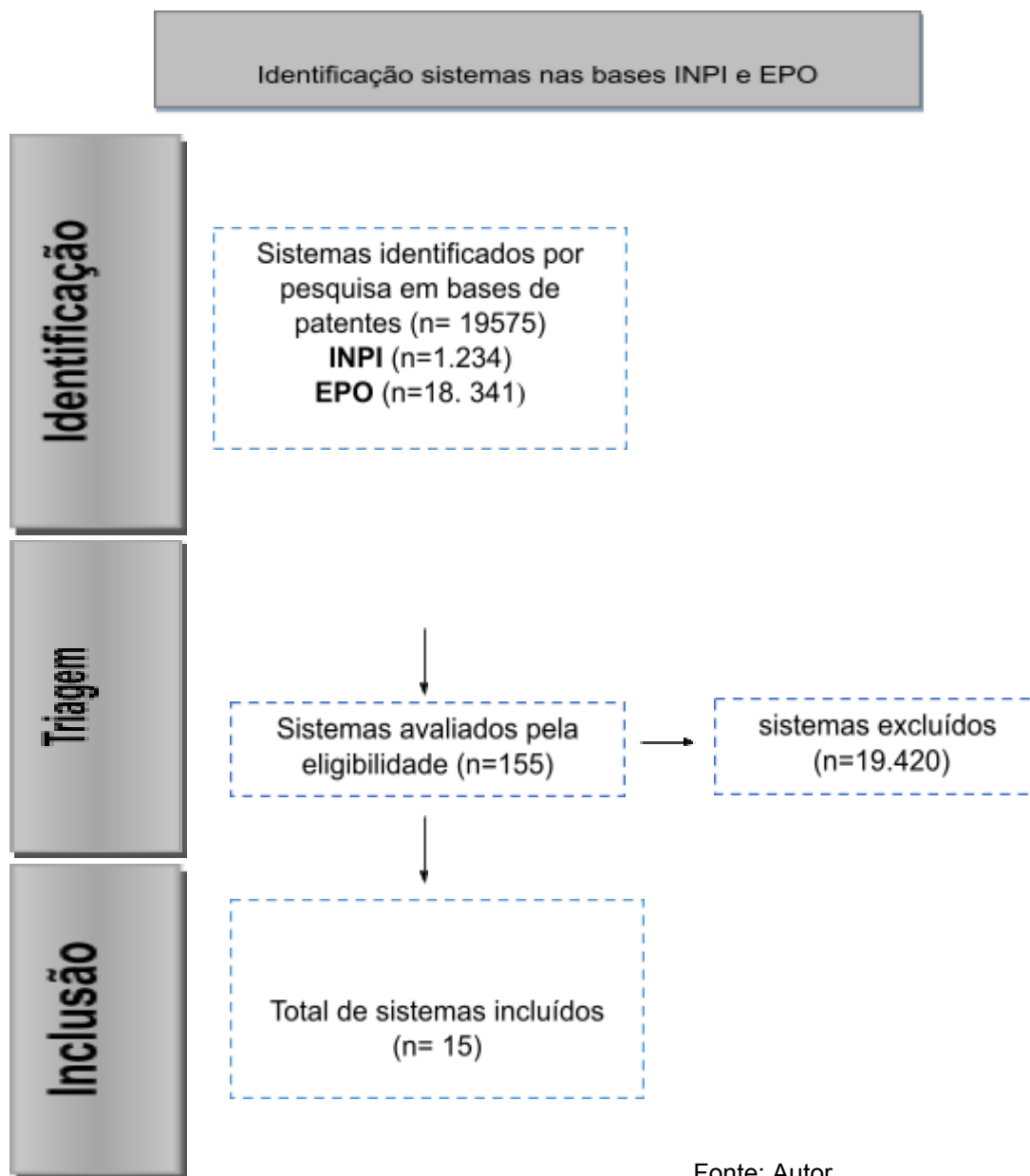
5.1 PROSPECÇÃO TECNOLÓGICA

No âmbito desta prospecção tecnológica, foram identificados 19.575 sistemas relacionados a bancos de bioinformática genômica, disponíveis nas bases de dados do Instituto Nacional da Propriedade Industrial (INPI) 1.234, no Escritório Europeu de Patentes (EPO) 18.341 e na ferramenta de busca do Google®. A pesquisa focou em identificar soluções tecnológicas adequadas para a elaboração de um banco de dados voltado à conservação de espécies, especificamente para auxiliar na escolha de pares reprodutivos compatíveis para reprodução em zoológicos, com o objetivo de minimizar o risco de extinção de espécies ameaçadas e evitar deslocamentos de animais aparentados.

As etapas da metodologia de pesquisa incluíram a leitura dos títulos dos sistemas identificados, seguida de uma análise de conformidade com as perguntas de pesquisa e os critérios de inclusão e exclusão previamente definidos. Esses critérios buscavam assegurar que os sistemas selecionados fossem capazes de lidar com grandes volumes de dados genômicos, permitissem a integração de informações genéticas de diferentes zoológicos, e tivessem mecanismos eficientes para a análise de compatibilidade genética entre indivíduos de diferentes espécies.

Após finalizarmos a primeira triagem, foram selecionados 12 sistemas de bioinformática no INPI e 143 no EPO distintos para uma análise mais detalhada (Figura 8). Essa análise incluiu a leitura completa das descrições dos sistemas, com foco em sua capacidade de atender às necessidades do projeto, como a segurança dos dados, a escalabilidade, a facilidade de uso por diferentes instituições, e a interoperabilidade entre zoológicos. Os critérios de elegibilidade aplicados envolveram a avaliação de características como a robustez dos algoritmos para análise de variações genéticas e a capacidade de predição de compatibilidade genética entre pares de animais.

Figura 8 – Quantidade de sistemas encontrados e selecionados no INPI e EPO, Florianópolis, SC, Brasil, 2024.



Fonte: Autor

As principais razões para excluir os sistemas tecnológicos resgatados nesta pesquisa foram: foco exclusivo em outras áreas, falta de descrição técnica, tecnologias que não tenham sido testadas ou aplicadas em contexto de conservação documentados em literatura científica ou relatórios técnicos, e ferramentas

desenvolvidas exclusivamente para uso privado e sem acesso aberto para pesquisadores. A relação das tecnologias selecionadas encontra-se na Tabela 1.

Tabela 1 - Relação das tecnologias selecionadas no INPI e EPO, Florianópolis, SC, Brasil, 2024.

Nome da tecnologia	Descrição	Características/ requisitos de sistema
1- gnomAD	É um recurso que agrega e harmoniza dados de sequenciamento de exomas e genomas de vários projetos de grande escala, disponibilizando dados resumidos para a comunidade científica.	• Base de dados genéticos robusta. • Algoritmos de análise de variações genéticas. • Interoperabilidade com outras bases de dados genômicos. • Segurança de dados e controle de acesso.
2- 1000 Genomes	Catálogo detalhado de variações genéticas humanas comuns, utilizando amostras de indivíduos saudáveis de diversas etnias.	• Grande volume de dados genéticos. • Ferramentas de análise de dados genéticos. • Interface de usuário intuitiva. • Atualização contínua dos dados.
3- OMIM	Compêndio abrangente de genes humanos e fenótipos genéticos, atualizado diariamente.	• Base de dados genéticos e fenotípicos. • Ferramentas de análise de dados. • Interface de usuário intuitiva. • Validação científica contínua.
4- UK Biobank	Recurso de pesquisa biomédica que contém informações genéticas, de estilo de vida e de saúde de meio milhão de participantes do Reino Unido.	• Grande volume de dados genéticos e de saúde. • Ferramentas de análise e visualização de dados.

		• Segurança de dados robusta. • Escalabilidade para acomodar novos dados.
5- Clinical and Functional Translation of CFTR (CFTR2)	Fornecer informações sobre variantes específicas do gene CFTR, relacionadas à fibrose cística, incluindo dados clínicos e funcionais.	• Base de dados genéticos específica. • Ferramentas de análise funcional. • Interface de usuário intuitiva. • Atualização contínua dos dados.
6- Genetic Algorithm Light Optimizer (GALO)	Otimizador leve baseado em algoritmo genético para resolver problemas de otimização	• Algoritmos de otimização eficientes. • Interface de usuário intuitiva. • Escalabilidade para diferentes problemas de otimização.
7- AggregatorGridsGenAlg (Data Aggregator Allocation in Smart Grids)	Algoritmo genético para alocação de agregadores de dados em redes inteligentes.	• Algoritmos de otimização específicos. • Ferramentas de análise de dados. • Interface de usuário intuitiva.
8- GA Scheduler - A Comprehensive Library for Solving Machine Scheduling Problems Using Genetic Algorithms	Biblioteca abrangente para resolver problemas de agendamento de máquinas usando algoritmos genéticos.	• Algoritmos de agendamento eficientes. • Ferramentas de análise e relatórios. • Interface de usuário intuitiva.
9- CCG - Centro de Cruzamento Genético	Centro especializado em cruzamento genético para conservação de espécies.	• Base de dados genéticos detalhada. • Algoritmos de compatibilidade genética. • Segurança de dados robusta. • Ferramentas de análise e relatórios.

10- Hybrid SmartG - Hybrid Genetic Algorithm for Placement of Data Aggregators in Smart Grids	Algoritmo genético híbrido para posicionamento de agregadores de dados em redes inteligentes.	• Algoritmos de otimização híbridos. • Ferramentas de análise de dados. • Interface de usuário intuitiva.
11- Trace Archive	Arquivo de dados de sequenciamento genético.	• Grande volume de dados genéticos. • Ferramentas de análise de dados. • Segurança de dados robusta.
12- GenBank	Banco de genes que armazena material genético de diversas espécies para preservação da diversidade genética	• Base de dados genéticos robusta. • Ferramentas de análise de dados. • Segurança de dados e controle de acesso
13- WildTrack	Utiliza análise de pegadas e dados genéticos para monitorar e conservar populações de espécies ameaçadas.	• Algoritmos de análise de pegadas e dados genéticos. • Ferramentas de visualização de dados. • Interface de usuário intuitiva
14- ZIMS	Plataforma que integra dados genéticos e de manejo de zoológicos para ajudar na conservação de espécies.	• Base de dados genéticos e de manejo. • Ferramentas de análise e relatórios. • Interoperabilidade com outras instituições
15- CryoZoo	Tecnologia de criopreservação que armazena esperma, óvulos e embriões de espécies ameaçadas a baixas temperaturas para uso futuro.	• Técnicas de criopreservação avançadas. • Segurança de dados e controle de acesso. • Interface de usuário intuitiva.

Nesta prospecção tecnológica o foco principal foi a busca por soluções capazes de encontrar pares geneticamente compatíveis, garantindo a diversidade genética e a sustentabilidade das populações mantidas sob cuidados humanos. Nas bases de dados selecionadas e algoritmos foram identificados características relevantes para a criação de um banco de dados para fins de conservação de espécies. Com base nas tecnologias identificadas, alguns aspectos críticos foram destacados para a implementação de um sistema eficiente de *match* genético:

1. Segurança dos Dados:

- o Implementação de criptografia e controle de acesso.
- o Conformidade com regulamentações como a GDPR para garantir a privacidade dos dados genéticos.

2. Escalabilidade:

- o Arquitetura modular com suporte para armazenamento em nuvem.
- o Integração de novos dados genéticos de diferentes espécies ao longo do tempo.

3. Facilidade de Uso:

- o Interface intuitiva para uso por zoológicos e santuários de diversos tamanhos.
- o Treinamento e suporte técnico para facilitar a adoção.

4. Interoperabilidade:

- o Suporte a múltiplos formatos de dados e protocolos de comunicação.
- o Integração entre zoológicos e santuários para troca de informações genéticas.

5. Robustez dos Algoritmos:

- o Precisão na identificação de variações genéticas relevantes.

- o Uso de bioinformática e aprendizado de máquina para predição de compatibilidade genética.

6. Capacidade de Predição de Compatibilidade Genética:

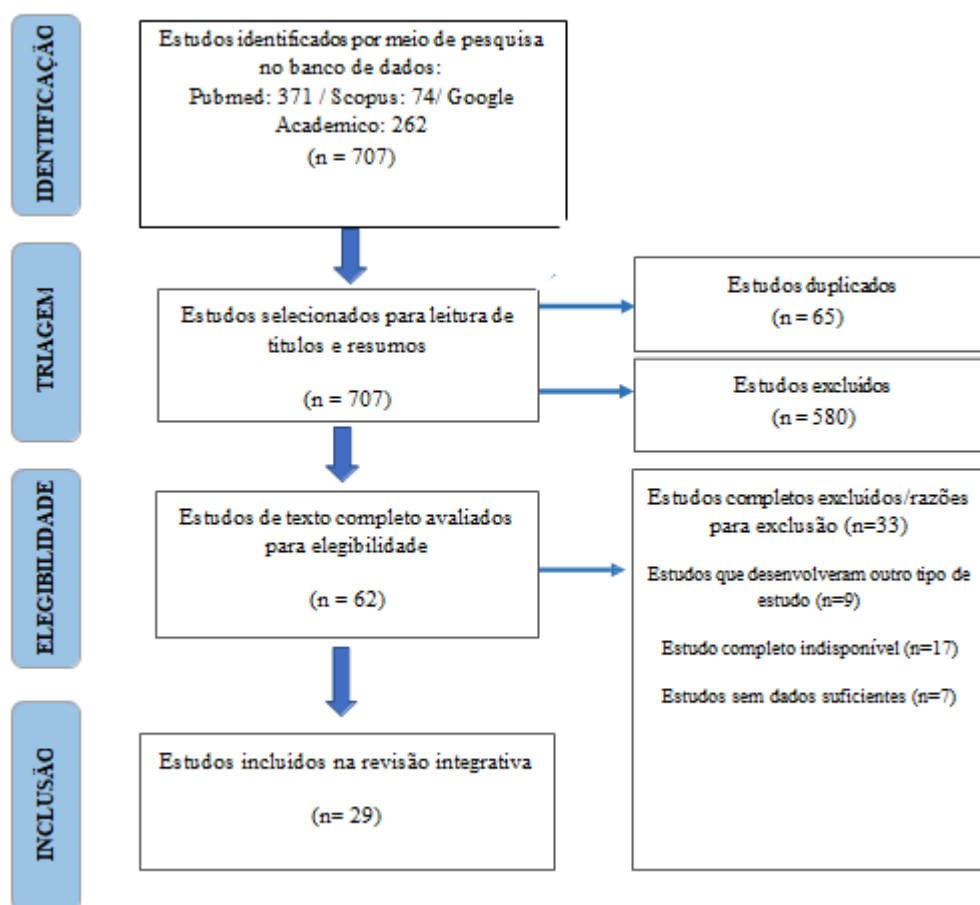
- o Algoritmos que analisam dados genéticos e fenotípicos.
- o Minimização de consanguinidade e promoção da diversidade genética.
- o Ferramentas de visualização de dados para facilitar a tomada de decisões.

Os aspectos descritos são essenciais para qualquer tipo de banco de dados, sendo o último o diferencial e foco para a conclusão do DRAGOA. Visando a construção de um algoritmo capaz de analisar os dados presentes no BD e entregar o resultado da questão “Quais indivíduos registrados são geneticamente compatíveis para reprodução?”, minimizando assim os riscos de consanguinidade e perda de diversidade genética, fatores cruciais para a sobrevivência a longo prazo das populações ameaçadas.

5.2 REVISÃO INTEGRATIVA

Dos 29 estudos avaliados, quanto à distribuição geográfica observou-se que: Brasil (n=21), EUA (n=3), Espanha (n=1), Malásia (n=1), Gana (n=1) e dois multicêntricos internacionais. No que diz respeito à distribuição temporal das publicações, o ano com o maior número de publicações foi 2015 com n=6, seguido por 2020 e 2023, (cada um com n=5), 2017 (n=4), 2014, 2016 e 2021 (cada um com n=2) e 2013, 2019 e 2022 (cada um com n=1) (Figura 9; Quadro 1).

Figura 9 – Fluxograma da revisão da literatura.



Fonte: Autor

Quadro 1 - Características dos estudos incluídos na revisão integrativa. Florianópolis, SC, Brasil, 2024

Referência	Ano	Objetivo	Desenho do estudo
Applications of next-generation sequencing technologies and computational tools in molecular evolution and aquatic animals conservation studies: a short review.	2019	Examinar as aplicações das tecnologias de sequenciamento de nova geração e ferramentas de bioinformática para estudar a evolução molecular de animais aquáticos e discutir os desafios atuais e perspectivas futuras do uso da bioinformática nos esforços de conservação de animais aquáticos	Revisão de literatura sobre as tecnologias de sequenciamento de nova geração e ferramentas de bioinformática aplicadas à evolução molecular e conservação de animais aquáticos
Smart Computing and Sensing Technologies for Animal Welfare: A Systematic Review.	2016	Revisar sistematicamente a literatura existente sobre tecnologias de computação e sensoriamento inteligentes para o bem-estar de animais domésticos, de fazenda e selvagens	Revisão sistemática da literatura sobre tecnologias de computação e sensoriamento inteligentes aplicadas ao bem-estar animal
Fostering Conservation via an Integrated Use of Conventional Approaches and High-Throughput SPET Genotyping: A Case Study Using the Endangered Canarian Endemics <i>Solanum lidii</i> and <i>S. vespertilio</i> (Solanaceae).	2020	Integrar abordagens convencionais e genotipagem de alta capacidade para conservar as espécies endêmicas ameaçadas <i>Solanum lidii</i> e <i>S. vespertilio</i> nas Ilhas Canárias	Combinação de estudos morfológicos e de hibridização com plataformas de genotipagem de alta capacidade para analisar as relações entre as espécies endêmicas de <i>Solanum</i>

Referência	Ano	Objetivo	Desenho do estudo
Variabilidade genética e estrutura populacional do tubarão cabeça-chata, <i>Carcharhinus leucas</i> , no Atlântico Ocidental utilizando marcadores moleculares do DNA mitocondrial.	2015	Caracterizar a estrutura genética populacional do tubarão cabeça-chata (<i>Carcharhinus leucas</i>) no Atlântico Ocidental, utilizando marcadores moleculares do DNA mitocondrial	Análise genética de 112 amostras de <i>C. leucas</i> de duas regiões distintas (foz do Rio Amazonas e Flórida) para avaliar a diversidade genética e a estrutura populacional
An Integrative Assessment Of The Ex Situ Conservation And Reintroduction Of An Endangered Species Of Pupfish (<i>Cyprinodon bovinus</i>): Investigation Of Genetic, Morphological and Behavioral Variation.	2015	Avaliar a conservação ex situ e a reintrodução de uma espécie ameaçada de peixe (<i>Cyprinodon bovinus</i>), investigando variações genéticas, morfológicas e comportamentais	Estudo integrativo que combina análises genéticas, morfológicas e comportamentais para avaliar a eficácia da conservação ex situ e reintrodução de <i>Cyprinodon bovinus</i>
Classificação Automática de Espécies de Peixe Utilizando Reconhecimento Sintático de Padrões.	2017	Desenvolver um sistema de classificação automática de espécies de peixe utilizando reconhecimento sintático de padrões	Desenvolvimento e teste de um sistema de reconhecimento sintático de padrões aplicado à classificação de imagens de espécies de peixe
Análise genômica de híbridos e não híbridos de Olhos-de-fogo (gênero <i>Pyrglana</i> , Aves: <i>Thamnophilidae</i>) da Floresta Atlântica.	2017	Analisar geneticamente híbridos e não híbridos de Olhos-de-fogo (gênero <i>Pyrglana</i>) da Floresta Atlântica	Estudo genômico comparativo utilizando sequenciamento de DNA para identificar variações genéticas entre híbridos e não híbridos de <i>Pyrglana</i>

Referência	Ano	Objetivo	Desenho do estudo
Engaging with the Nagoya Protocol on Access and Benefit-Sharing: recommendations for noncommercial biodiversity researchers	2023	Fornecer recomendações para pesquisadores de biodiversidade não comerciais sobre como se engajar com o Protocolo de Nagoya sobre Acesso e Repartição de Benefícios	Revisão de literatura e análise de casos para desenvolver diretrizes práticas para pesquisadores de biodiversidade não comerciais em relação ao Protocolo de Nagoya
O desenvolvimento de bancos de dados genômicos têm permitido a organização e o armazenamento seguro de informações genéticas, garantindo maior eficiência na tomada de decisões sobre estratégias de conservação.	2020	Discutir o desenvolvimento de bancos de dados genômicos e sua importância para a organização e armazenamento seguro de informações genéticas, visando maior eficiência na tomada de decisões sobre estratégias de conservação	Revisão de literatura sobre o desenvolvimento e uso de bancos de dados genômicos na conservação de espécies
Bioinformatics with basic local alignment search tool (BLAST) and fast alignment (FASTA).	2014	Analisar as ferramentas BLAST e FASTA na bioinformática, destacando suas aplicações na análise de sequências biológicas e suas limitações	Revisão de literatura sobre as ferramentas BLAST e FASTA, incluindo uma análise comparativa de suas funcionalidades e desempenho

Referência	Ano	Objetivo	Desenho do estudo
Subsídios para a conservação de vertebrados marinhos: identificação molecular e monitoramento do comércio online.	2017	Fornecer subsídios para o combate contra o comércio ilegal de animais marinhos ameaçados, com ênfase nos cetáceos, no pargo e nas raias conhecidas como peixes-serra	Estudo que combina identificação molecular e monitoramento do comércio online de partes de animais marinhos, utilizando sequências do gene Citocromo c Oxidase subunidade I (COI) e marcadores moleculares do tipo PCR-RFLP
Monitoramento de biodiversidade em múltiplas escalas: o caso do Parque Nacional da Serra dos Órgãos.	2023	Investigar o monitoramento in situ de biodiversidade realizado como ferramenta de gestão ambiental pública em múltiplas escalas, usando como exemplo o Parque Nacional da Serra dos Órgãos (PARNASO)	Estudo de caso que analisa o monitoramento de biodiversidade em diferentes escalas, desde a escala nacional até a escala local, no Parque Nacional da Serra dos Órgãos
Compatibilização Semântica: uma proposta de melhoria para integração de dados científicos em Biodiversidade.	2023	Propor uma melhoria para a integração de dados científicos em biodiversidade através da compatibilização semântica.	Desenvolvimento de uma proposta de compatibilização semântica para melhorar a integração de dados científicos em biodiversidade, utilizando técnicas de ciência da informação e análise de dados
Genética da Conservação do gavião-real (<i>Harpia harpyja</i> , Linnaeus, 1758) no Brasil.	2023	Avaliar a genética da conservação do gavião-real (<i>Harpia harpyja</i>) no Brasil, utilizando marcadores moleculares para analisar a diversidade genética e desenvolver	Estudo genético utilizando marcadores moleculares para avaliar a diversidade genética do gavião-real e propor estratégias de conservação e manejo

Referência	Ano	Objetivo	Desenho do estudo
		estratégias de manejo adequadas	
SiBBr: uma infraestrutura para coleta, integração e análise de dados sobre a biodiversidade Brasileira.	2014	Desenvolver uma infraestrutura para coleta, integração e análise de dados sobre a biodiversidade brasileira, conhecida como SiBBr (Sistema de Informação sobre a Biodiversidade Brasileira)	Descrição e implementação de uma infraestrutura tecnológica para coleta, integração e análise de dados de biodiversidade, com foco na biodiversidade brasileira
Avaliação de conteúdo dos dados primários de biodiversidade publicados pela rede GBIF: status, desafios e potenciais	2013	Avaliar o conteúdo dos dados primários de biodiversidade publicados pela rede GBIF (Global Biodiversity Information Facility), identificando status, desafios e potenciais	Análise de dados primários de biodiversidade publicados pela GBIF, incluindo uma avaliação do conteúdo, qualidade e cobertura dos dados
A comparative genomics multitool for scientific discovery and conservation.	2020	utilizar a genômica comparativa para ampliar a compreensão sobre a evolução dos mamíferos e aplicar esse conhecimento em esforços de conservação. Busca identificar elementos genômicos conservados e específicos que possam fornecer insights sobre a biologia e a conservação de diferentes espécies.	estudo de genômica comparativa que analisa e compara os genomas de diversas espécies de mamíferos. Utiliza ferramentas bioinformáticas para identificar regiões conservadas e divergentes nos genomas, visando compreender aspectos evolutivos e aplicá-los em estratégias de conservação.

Referência	Ano	Objetivo	Desenho do estudo
Is reintroduction a tool for the conservation of the jaguar <i>Panthera onca</i> ? A case study in the Brazilian Pantanal.	2021	Avaliar a reintrodução de onças-pintadas (<i>Panthera onca</i>) no Pantanal brasileiro como uma ferramenta de conservação, monitorando a adaptação e sobrevivência dos indivíduos reintroduzidos	Estudo de caso que envolve o monitoramento de onças-pintadas reintroduzidas utilizando GPS e drones para avaliar sua adaptação ao ambiente natural e a eficácia da reintrodução como estratégia de conservação
Isolamento de microssatélites e análise genética de ararinha-azul (<i>Cyanopsitta spixii</i> , Aves, Psittaciformes).	2015	Identificar microssatélites polimórficos específicos para acessar o nível de diversidade genética da ararinha-azul (<i>Cyanopsitta spixii</i>) e estimar o parentesco entre pares de aves para auxiliar o manejo genético da população	Sequenciamento parcial do genoma de um indivíduo de ararinha-azul, seguido pelo desenho de primers e amplificação de microssatélites para testar o nível de polimorfismo em 12 indivíduos selecionados
Estudos populacionais e prospecções genômicas de <i>Bothrops insularis</i> (Serpentes, Viperidae): implicações para a conservação.	2022	Acessar e caracterizar informações genéticas de <i>Bothrops insularis</i> para contribuir com dados importantes para sua conservação	Estudo genômico que inclui a recuperação do genoma de <i>B. insularis</i> , prospecção de marcadores microssatélites e análise da diversidade genética em populações ex situ e in situ
Genética molecular na identificação de espécies de raias exploradas comercialmente no estado de São Paulo.	2020	Utilizar a técnica de DNA Barcode para identificar espécies de raias comercializadas no estado de São Paulo e validar a técnica como ferramenta de rotina para controle de qualidade	Coleta de amostras de raias em peixarias e mercados, seguida pela extração de DNA, sequenciamento do gene Citocromo Oxidase subunidade I (COI) e análise das sequências para identificação das espécies

Referência	Ano	Objetivo	Desenho do estudo
Identificação, caracterização e validação de sequências microssatélites no genoma do mico-leão-preto (<i>Leontopithecus chrysopygus</i>).	2015	identificar, caracterizar e validar sequências de microssatélites no genoma do mico-leão-preto (<i>Leontopithecus chrysopygus</i>), visando fornecer ferramentas moleculares para estudos de genética da conservação dessa espécie ameaçada.	Pesquisa laboratorial em genética molecular. O estudo inclui etapas de extração de DNA, amplificação de sequências específicas, análise de microssatélites e validação dos marcadores identificados, com o intuito de aplicá-los em estudos populacionais e de conservação do mico-leão-preto.
Aplicações da genética na conservação e combate ao tráfico de animais silvestres.	2021	Desenvolver testes de filiação para identificar animais silvestres ilegais em cativeiro e auxiliar na conservação de espécies através de abordagens genéticas	Uso de ferramentas genéticas para auxiliar na conservação de espécies e no combate ao tráfico de animais silvestres. Uma abordagem destacada é a identificação de animais ilegais em cativeiro através de testes de filiação baseados em microssatélites e sequenciamento massivo de DNA (NGS). O trabalho desenvolveu um teste específico para a espécie <i>Saltator similis</i> , utilizando marcadores genéticos para verificar a filiação em criadouros.

Referência	Ano	Objetivo	Desenho do estudo
DNA Barcoding na identificação de espécies de tubarões exploradas comercialmente no litoral de São Paulo.	2016	Monitorar a pesca de tubarões no litoral de São Paulo e verificar a fidedignidade dos dados de estatística pesqueira através da técnica de DNA Barcoding	Aplicou a técnica de DNA Barcoding para identificar espécies de tubarões comercializadas no litoral de São Paulo. Após a extração do DNA, a região do gene mitocondrial Citocromo C Oxidase I (COI) foi amplificada e sequenciada. As sequências obtidas foram comparadas ao banco de dados Barcode of Life Data System (BOLD) para identificação das espécies.
Uma infraestrutura semântica para integração de dados científicos sobre biodiversidade.	2017	Propor uma infraestrutura semântica para a integração de dados científicos sobre biodiversidade, utilizando tecnologias da Web Semântica	Este trabalho propõe uma infraestrutura semântica para integrar dados científicos relacionados à biodiversidade. A pesquisa aborda a heterogeneidade e dispersão dos dados biológicos, propondo uma abordagem que utiliza ontologias e tecnologias da web semântica para facilitar a integração e interoperabilidade desses dados.

Referência	Ano	Objetivo	Desenho do estudo
Genética da conservação de suínos localmente adaptados no Brasil: uso de ferramentas genômicas e geográficas.	2015	Analisar raças suínas localmente adaptadas no Brasil e propor estratégias de conservação utilizando ferramentas genômicas e geográficas	Este estudo investiga a genética da conservação de raças de suínos localmente adaptadas no Brasil. Utilizando ferramentas genômicas e geográficas, a pesquisa avalia a diversidade genética dessas raças e suas distribuições geográficas.
Bioinformática aplicada à análise da distribuição geográfica de tartarugas marinhas.	2023	Avaliar a distribuição geográfica de tartarugas marinhas utilizando técnicas de bioinformática e dados genéticos	Aplica ferramentas de bioinformática para analisar a distribuição geográfica de tartarugas marinhas. A pesquisa utiliza dados de ocorrência das espécies, juntamente com técnicas de modelagem de distribuição de espécies e sistemas de informação geográfica (SIG), para entender os padrões de distribuição e identificar áreas de importância para a conservação.
Estratégia de conservação do primata (<i>Cebus kaapori</i>) a partir de Corredor Ecológico na área de endemismo Belém, Pará.	2020	Desenvolver estratégias de conservação para o primata <i>Cebus kaapori</i> utilizando corredores ecológicos na área de endemismo Belém, Pará	A proposta central é a criação de um corredor ecológico que conecte fragmentos de habitat, permitindo o fluxo gênico entre populações isoladas e aumentando a viabilidade a longo prazo da espécie.

Referência	Ano	Objetivo	Desenho do estudo
Filhote - ferramenta de suporte à análise e interpretação de dados biológicos.	2015	Desenvolver uma ferramenta chamada Filhote para a administração e análise de dados biológicos de peixes coletados na região da Usina Hidrelétrica Luís Eduardo Magalhães	Desenvolvimento do "Filhote", uma ferramenta computacional destinada a auxiliar na análise e interpretação de dados biológicos.

Fonte: Autor

Os resultados foram organizados em três categorias principais: 1- O Papel da Bioinformática na Conservação de Espécies; 2- Bancos de Dados e Sistemas Computacionais para o Armazenamento de Genomas; 3- Algoritmos e Ferramentas Computacionais para a Análise de Dados Biológicos.

1. O Papel da Bioinformática na Conservação de Espécies

A bioinformática tem se consolidado como uma ferramenta essencial na conservação de espécies, facilitando a análise de dados genéticos e a compreensão da diversidade genética. Ferramentas como BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*) são amplamente utilizadas para identificar similaridades entre sequências biológicas, permitindo a identificação de genes e variantes genéticas essenciais para a sobrevivência das espécies ameaçadas (DONKOR; DAYIE; ADIKU, 2014; TREVISAN, 2015).

A coleta e análise de informações ambientais são facilitadas por aplicativos e bancos de dados especializados. Esses sistemas permitem que pesquisadores e conservacionistas armazenem, organizem e analisem grandes volumes de dados de forma eficiente. Aplicativos móveis são frequentemente utilizados para a coleta de dados em campo, permitindo que informações sobre avistamentos de animais, condições ambientais e ameaças sejam registradas e compartilhadas em tempo real. Bancos de dados como o *Global Biodiversity Information Facility* (GBIF) e o Sistema de Informação sobre a Biodiversidade Brasileira (SiBBR) centralizam dados de

biodiversidade de diversas fontes, facilitando o acesso e a análise por pesquisadores de todo o mundo. Esses sistemas são fundamentais para a tomada de decisões informadas e para o desenvolvimento de estratégias de conservação baseadas em evidências (GAIJI *et al.*, 2013; GADELHA *et al.*, 2014, SILVA, 2015).

Diversos projetos ao redor do mundo têm demonstrado o sucesso do uso da bioinformática na conservação de espécies ameaçadas. Um exemplo notável é o projeto de reintrodução do mico-leão-dourado (*Leontopithecus rosalia*) na Mata Atlântica brasileira. Graças ao uso de tecnologias de monitoramento e bancos de dados para rastrear e analisar a população, a espécie, que estava à beira da extinção, teve sua população significativamente recuperada. Outro exemplo é o projeto Onçafari, que utiliza GPS e drones para monitorar onças-pintadas (*Panthera onca*) no Pantanal. Esse projeto tem sido crucial para a conservação da espécie, permitindo o monitoramento de indivíduos reintroduzidos e a avaliação de suas adaptações ao ambiente natural (PARDO, 2015; GASPARINI-MORATO *et al.*, 2021).

Também a estratégia de conservação do primata *Cebus kaapori* a partir de corredores ecológicos na área de endemismo do Belém no Pará, destaca a importância de tais iniciativas para a preservação de espécies ameaçadas (TAMASAUSKAS, 2020). O estudo de Black (2015) também mostra a importância da conservação *ex situ* e a reintrodução de espécies ameaçadas, investigando variações genéticas, morfológicas e comportamentais. Outro dado encontrado é sobre a genética da conservação do gavião-real (*Harpia harpyja*) no Brasil que demonstra a importância de tais estudos para a preservação de espécies ameaçadas, utilizando marcadores moleculares para avaliar a diversidade genética e desenvolver estratégias de manejo adequadas (FONSECA, 2023).

2. Bancos de Dados e Sistemas Computacionais para o Armazenamento de Genomas

O desenvolvimento de bancos de dados genômicos têm permitido a organização e o armazenamento seguro de informações genéticas, garantindo maior eficiência na tomada de decisões sobre estratégias de conservação. Repositórios como o GenBank e o Ensembl fornecem acesso rápido e confiável a dados genômicos, sendo

fundamentais para pesquisas na área (COSTA, SILVA, 2020). Além disso, o projeto Zoonomia tem contribuído significativamente para a conservação da biodiversidade, fornecendo recursos genômicos para mais de 130 espécies previamente não caracterizadas e alinhamentos de genomas completos de 240 espécies (ZOONOMIA CONSORTIUM, 2020).

A integração e padronização dos dados ainda representam desafios significativos, mas avanços tecnológicos têm permitido novas abordagens para a conservação de espécies ameaçadas. Tecnologias de monitoramento, como sensores, GPS e drones, têm revolucionado a forma como monitoramos e protegemos espécies, permitindo o rastreamento em tempo real e a detecção de ameaças como o desmatamento e a caça ilegal (FALCÃO, 2017; SERIQUE, 2017; FELIPE, 2023;).

3. Algoritmos e Ferramentas Computacionais para a Análise de Dados Biológicos

Os modelos preditivos são ferramentas poderosas na conservação de espécies, permitindo a avaliação de riscos e a proposição de estratégias de mitigação. Utilizando dados ambientais e biológicos, esses modelos podem prever a distribuição de espécies e identificar áreas de risco, auxiliando na tomada de decisões informadas (BORTH, 2017).

A inteligência artificial (IA) e o aprendizado de máquina têm revolucionado a análise de dados ambientais, proporcionando insights valiosos para a conservação da biodiversidade. Essas tecnologias permitem processar grandes volumes de dados e identificar padrões complexos que seriam difíceis de detectar manualmente. Por exemplo, algoritmos de aprendizado de máquina podem ser usados para analisar imagens de satélite e detectar mudanças no uso da terra, como desmatamento ou urbanização (AMLA; JUKAN; MASIP-BRUIN, 2016). Além disso, a implementação do Protocolo de Nagoya sobre Acesso e Repartição de Benefícios tem impactado a pesquisa não comercial em biodiversidade, destacando a necessidade de diretrizes claras para pesquisadores (COLELLA et al., 2023).

O sequenciamento genético tem se tornado uma ferramenta essencial na conservação de espécies, permitindo a identificação precisa de espécies vulneráveis. A

técnica de DNA ambiental (eDNA) permite analisar material genético presente em amostras de água e solo para identificar espécies sem a necessidade de avistamentos visuais. Essa abordagem tem sido amplamente utilizada em projetos de monitoramento da biodiversidade (AFIQA-H-ALENG, *et al.*, 2019; FARIA, 2023).

Estudos de diversidade genética também desempenham um papel crucial na conservação, ajudando a identificar populações com baixa variabilidade genética, que são mais suscetíveis a ameaças e têm menor capacidade de adaptação. A análise desses dados é fundamental para o desenvolvimento de estratégias eficazes, como a reintrodução de indivíduos geneticamente diversos em populações isoladas ou a translocação de populações para habitats mais seguros (BIAZON, 2015; ANDERSON, *et al.*, 2020). A análise genômica de híbridos e não híbridos de Olhos-de-fogo (gênero *Pyriglena*) da Floresta Atlântica também exemplifica a importância de tais estudos para a compreensão da diversidade genética e a conservação de espécies (BUENO, 2017).

Além disso, o isolamento de microssatélites e a análise genética de ararinha-azul (*Cyanopsitta spixii*) também são exemplos importantes de como a genética pode auxiliar na conservação de espécies ameaçadas (MONTEIRO, 2015). Estudos populacionais e prospecções genômicas de *Bothrops insularis* (Serpentes, Viperidae) destacam as implicações para a conservação dessas espécies (OLIVEIRA, 2022).

A genética molecular na identificação de espécies de raias exploradas comercialmente no estado de São Paulo também é um exemplo relevante (OLIVEIRA, 2020). Aplicações da genética na conservação e combate ao tráfico de animais silvestres são fundamentais para a proteção da biodiversidade (QUEIROZ, 2021). O uso de DNA Barcoding na identificação de espécies de tubarões explorados comercialmente no litoral de São Paulo é outra aplicação importante (RAMOS, 2016). A bioinformática aplicada à análise da distribuição geográfica de tartarugas marinhas também exemplifica o uso dessas tecnologias na conservação (SILVA, 2023).

O avanço das tecnologias de análise genômica e bioinformática continua a expandir as possibilidades para a conservação da biodiversidade, oferecendo novas estratégias para mitigar ameaças e proteger espécies em risco.

Observa-se que os descritores escolhidos no método SPIDER resgataram trabalhos de um amplo escopo, tratando de ferramentas para análise de genótipo, distribuição geográfica, identificação de espécies e estudos de conservação *ex situ* através de reprodução em cativeiro, que seria o resultado mais apropriado para o trabalho. Para melhorar a precisão dos descritores, e resgatar trabalhos de biologia da conservação ou de estratégias de reprodução para conservação de espécies, podemos escolher os descritores mais apropriados no elemento *sample*, como: Patrimônio genético, dados de conservação, genética, conservação, parentesco. Os descritores selecionados limitaram os resultados focando amplamente em bioinformática, sendo a intenção encontrar soluções para realizar análises que resultam nos melhores pares exogâmicos dentre os indivíduos registrados de cada espécie. Sendo assim, não foi encontrado um programa que realizasse a proposta do DRAGOA integrado em um banco de dados.

5.3 O BANCO DE DADOS

Utilizando o SGBD *MySQL Workbench* foi estruturado a entidade relacional do DRAGOA (Figura 10). Contando com 1 esquema, 8 entidades, 56 atributos e 8 relações definidas para cobrir todas as informações relevantes para realizar estudo de genética de populações com intuito de conservação das espécies. As entidades criadas foram:

Usuário: para armazenar informações relevantes a quem tem acesso ao DRAGOA;

Amostra: informa qualidades do material biológico registrado, podendo pertencer a um animal de programa de reprodução ou de outros projetos do grupo de pesquisa;

Coleta: informações sobre o tipo de material coletado, protocolo de coleta utilizado e data;

Conservação: indica o nível de ameaça das espécies cadastradas;

Taxonomia: informações classificatórias dos animais e amostras cadastrados;

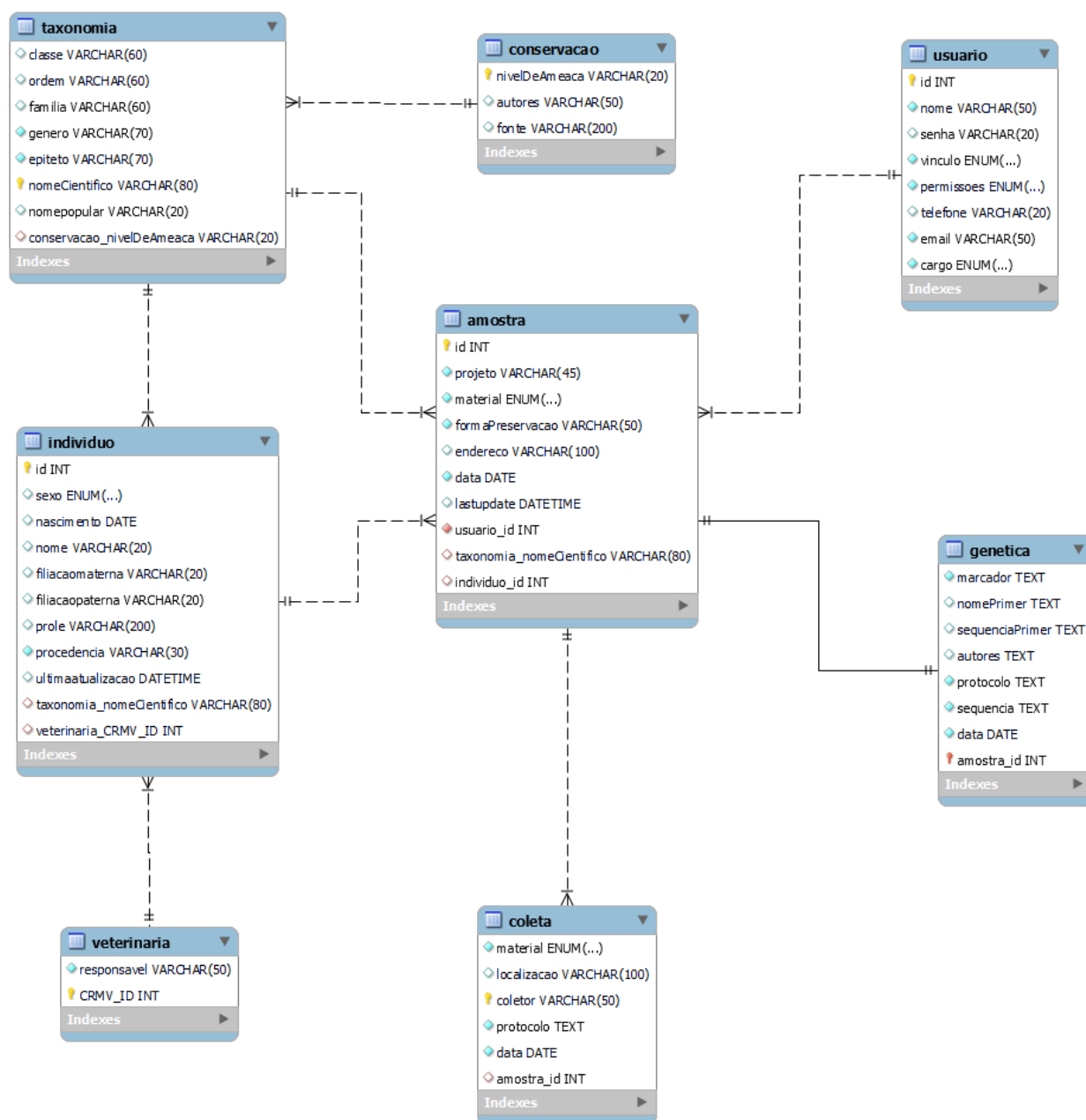
Indivíduo: informações relevantes dos animais cadastrados para conservação da espécie;

Veterinária: Informações sobre o profissional responsável pelo animal registrado;

Genética: Dados genéticos referentes às amostras e animais cadastrados, para a inferência das análises desejadas.

Os atributos que compõem as entidades servem para uma melhor descrição sobre todos os processos realizados e possibilitar a confecção de relatórios detalhados.

Figura 10 – Modelo Entidade Relacional Do DRAGOA.



Fonte: Autor

5.4 ATUALIZANDO E POPULANDO OS DADOS

Antes de popular os dados de trabalhos previamente realizados pelo grupo de pesquisa, foi realizada uma revisão e comparação sobre o estado de conservação das espécies avaliadas no projeto Gato por Lebre (Tabela 2), utilizando os dados disponíveis no Livro Vermelho da Fauna Brasileira Ameaçada de Extinção, disponibilizado pelo ICMBio/MMA com a última atualização em 2018, que pode ser acessado no endereço eletrônico www.gov.br/icmbio/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/publicacoes-diversas/livro-vermelho/livro-vermelho-da-fauna-brasileira-ameacada-de-extincao-2018. Com isso é possível observar a diferença no estado de conservação das espécies a nível nacional e internacional, além de detectar quais espécies não possuem dados suficientes para serem propriamente categorizadas até o momento.

Tabela 2 – Comparação do estado de conservação das espécies ameaçadas segundo os dados IUCN e ICMBio/MMA.

Espécie	Nome Popular	IUCN	ICMBio/MMA
<i>Sardinella aurita</i>	Sardinha-verdadeira	LC	DD
<i>Pomatomus saltatrix</i>	Anchoa	VU	NT
<i>Seriola lalandi</i>	Arabaiana	LC	LC
<i>Coryphaena hippurus</i>	Dourado	LC	LC
<i>Orthopristis ruber</i>	Corcoroca	LC	LC
<i>Cynoscion guatucupa</i>	Pescada-olhuda	NE	LC
<i>Micropogonias furnieri</i>	Corvina	LC	LC
<i>Lepidocybium flavobrunneum</i>	Peixe-prego-liso	LC	LC
<i>Thunnus alalunga</i>	Albacora-branca	NT	LC
<i>Thunnus obesus</i>	Albacora-bandolim	VU	NT
<i>Xiphias gladius</i>	Espadarte; Meka	LC	NT
<i>Peprilus paru</i>	Gordinho	LC	LC
<i>Paralichthys orbignyanus</i>	Linguado-vermelho	NE	DD
<i>Carcharhinus plumbeus</i>	Tubarão-galhudo	VU	CR

<i>Prionace glauca</i>	Tubarão-azul	NT	NT
<i>Rhizoprionodon lalandii</i>	Cação-frango	DD	NT
<i>Sphyrna lewini</i>	Tubarão-martelo	EN	CR

Níveis de ameaça: NE, Não Avaliado; DD, Dados Insuficientes; LC, Pouco Preocupante; NT, Quase Ameaçada; VU, Vulnerável; EN, Em Perigo; CR, Criticamente em Perigo.

Das 17 espécies registradas inicialmente no banco de dados, observamos que 10 possuem informações discrepantes em relação ao seu estado de conservação, que podem ser justificados pela diferença de critérios utilizados nas avaliações realizadas pela IUCN e o ICMBio (HRBEK, 2014; ICMBio/MMA, 2018). Também foi possível observar que três dessas estão listadas em PANs do Ministério do Meio Ambiente, sendo *Carcharhinus plumbeus* e *Sphyrna lewini* presentes na portaria MMA nº 148/2022, enquanto *Prionace glauca* está presente no Anexo II da Instrução Normativa MMA nº 5/2004 (KOTAS *et al.*, 2023).

O Brasil é um dos países classificados como megadiverso, possuindo uma vasta biodiversidade, sendo portanto de extrema importância estudar a fauna, flora e funga, levando em conta que existem muitas espécies ainda não descritas, sendo também uma função das estratégias de conservação em países megadiversos evitar a perda de espécies ainda não descritas (MYERS *et al.*, 2000; LEWINSOHN; PRADO, 2005). O conhecimento sobre estado de conservação da biodiversidade nacional é de extrema importância, pois nem sempre os dados registrados na IUCN refletem a realidade no Brasil, podendo desviar os focos de espécies que estão de fato ameaçadas, causando atrasos na implementação de planos de ação para a conservação das espécies (WOSNICK, 2021; VERCILLO, 2023).

Com os dados atualizados, a sua população foi realizada localmente no *MySQL Workbench* utilizando a linguagem SQL, podendo no momento ser consultada, apenas localmente, no mesmo *software* (Figura 11).

Figura 11 – Dados do projeto Gato por Lebre consultados localmente na interface do *MySQL Workbench*.

The screenshot displays the MySQL Workbench interface. The top menu bar includes File, Edit, View, Query, Database, Server, Tools, Scripting, and Help. The left sidebar shows the 'Schemas' tab with a tree view of the 'dragao' database, including tables like 'amostra', 'coleta', 'conservacao', 'genetica', 'individuo', 'taxonomia', 'usuario', and 'veterinaria'. The main editor window shows a SQL query: `select * from taxonomia;`. Below the query, the 'Result Grid' displays the following data:

classe	ordem	familia	genero	epiteto	nomeCientifico	nomepopular	conservacao_rivelDeAmeaca
Chondrichthyes	Carcharhiniformes	Carcharhinidae	Carcharhinus	plumbeus	Carcharhinus plumbeus	Tubarão-galhudo	CR
Actinopterygii	Perciformes	Coryphaenidae	Coryphaena	hippurus	Coryphaena hippurus	Dourado	LC
Actinopterygii	Eupercaria	Sciaenidae	Cynoscion	guatucupa	Cynoscion guatucupa	Pescada-olhada	LC
Orteichthyes	Perciformes	Gempylidae	Lepidocybium	flavobrunneum	Lepidocybium flavobrunneum	Peixe-prego-liso	LC
Actinopterygii	Perciformes	Sciaenidae	Micropogonias	furnieri	Micropogonias furnieri	Corvina	LC
Actinopterygii	Perciformes	Haemulidae	Orthopristis	ruber	Orthopristis ruber	Corcoroca	LC
Actinopterygii	Pleuronectiformes	Paralichthyidae	Paralichthys	orbignyanus	Paralichthys orbignyanus	Linguado-vermelho	DO
Actinopterygii	Perciformes	Stromateidae	Pepilus	paru	Pepilus paru	Gordinho	LC
Actinopterygii	Perciformes	Pomatomidae	Pomatomus	saltatrix	Pomatomus saltatrix	Anchova	NT
Chondrichthyes	Carcharhiniformes	Carcharhinidae	Prionace	glauca	Prionace glauca	Tubarão-azul	NT
Chondrichthyes	Carcharhiniformes	Carcharhinidae	Rhizoprionodon	lalandi	Rhizoprionodon lalandi	Cação-frango	NT
Orteichthyes	Clupeiformes	Clupeidae	Sardinella	aurita	Sardinella aurita	Sardinha-verdadeira	DO
Actinopterygii	Perciformes	Carangidae	Seriola	lalandi	Seriola lalandi	Arabaiana	LC
Chondrichthyes	Carcharhiniformes	Sphyrnidae	Sphyrna	lewini	Sphyrna lewini	Tubarão-martelo	CR
Actinopterygii	Perciformes	Scombridae	Thunnus	alalunga	Thunnus alalunga	Albacora-branca	LC
Actinopterygii	Perciformes	Scombridae	Thunnus	obesus	Thunnus obesus	Albacora-bandolim	NT
Actinopterygii	Perciformes	Xiphiidae	Xiphias	gladius	Xiphias gladius	Espadarte; Meka	NT

The bottom of the interface shows the 'Output' tab with the following log:

#	Time	Action	Message	Duration / Fetch
1	16:23:53	select * from taxonomia LIMIT 0, 1000	Error Code: 1046. No database selected Select the default DB to be used by double-clicking its name in the SCHEMAS list in the sidebar.	0.000 sec
2	16:24:02	use dragao	0 row(s) affected	0.000 sec
3	16:24:08	select * from taxonomia LIMIT 0, 1000	17 row(s) returned	0.000 sec / 0.000 sec

Fonte: Autor

5.5 SIMULAÇÕES DA INTERFACE DE USUÁRIO

Para a preparação da interface do *website*, página de cadastros de dados e consulta de dados do DRAGOA enquanto ainda não temos um servidor estabelecido, o design de UI (do inglês *User Interface*) foi esboçado digitalmente (Figura 12) e será adaptado dependendo da sua compatibilidade e as funcionalidades desejadas com a linguagem PHP.

Figura 12 – Esboço digital da UI do Banco de Dados DRAGOA.

<< voltar

Amostra	Coleta	Genética	Indivíduo	Taxonomia
---------	--------	----------	-----------	-----------

Registro da Amostra

Projeto	-- seleccione --	→	-- seleccione --
Tipo de Amostra			-- seleccione --
Forma de Preservação			GxL - Gato Por Lebre
			ExS - <i>ex situ</i>
			SAC - Sac Fauna
Data			
Endereço			

Fonte: Autor.

Destacamos como limitação do estudo o fato de que o BD encontra-se localmente no computador do laboratório do grupo de pesquisa em genética populacional e forense, e futuramente será implementado em PHP para a criação da interface de usuário na web, após o estabelecimento e hospedagem do DRAGOA em um servidor da UFSC, com senha criptografada para garantir a segurança dos dados armazenados, devido a não resposta da SETIC da UFSC.

O gerenciamento do banco de dados poderá ser feito através do *MySQL Workbench* ou do *phpMyAdmin* caso as funções do *software* não estejam otimizadas para o gerenciamento. As atualizações serão feitas diretamente do computador do laboratório e posteriormente enviadas ao servidor da UFSC utilizando o *software* FileZilla.

A criação de novos bancos de dados biológicos deve ser bem pensada, com a quantidade de dados e BDs disponíveis *online*, a elaboração de um novo deve ser baseada em uma demanda científica para um certo tipo de dado não disponível facilmente, este é o caso dos dados de BDB especializados, como é o caso do DRAGOA, que foca em armazenar e gerenciar os dados brutos dos trabalhos e projetos realizados pelo grupo de pesquisa em Genética Populacional e Forense, para a utilização dessas informações na continuação de projetos colaborativos com outras instituições, gerando resultados a partir do processamento destes dados para

devidamente publicá-los e exibi-los sem restrição ao público (HELMY; CRITS-CHRISTOPH; BADER, 2016).

5.6 BANCO DE DADOS RELACIONAL VS NÃO RELACIONAL

A escolha entre banco de dados relacional e não relacional é realizada com base no tipo de dados armazenados e como estes serão utilizados. O BD Relacional são os mais frequentes na literatura, porém com novas abordagens para armazenamento de dados os bancos NoSQL vem ganhando a sua popularidade (SCHULZ *et al.*, 2016).

Um BD Relacional possui propriedades conhecidas como ACID:

- Atomicidade: As transações realizadas são tratadas como uma unidade indivisível de trabalho;
- Consistência: As transações atualizam o BD de um estado para outro;
- Isolamento: Cada transação é executada independentemente;
- Durabilidade: As alterações de dados são permanentes quando a transação for confirmada.

Os bancos não relacionais possuem uma outra denominação de propriedades, a BASE:

- Basically Available: Dados disponíveis , mesmo com falha no servidor através de replicações em cluster;
- Soft State: Os dados podem se alterar com o tempo, sendo menos consistente;
- Eventually Consistent: A população e edição dos dados ocorre de forma gradual, não sendo instantaneamente consistente.

Levando isso em consideração, os bancos de dados relacionais são mais consistentes para manter a integridade dos dados, performam melhor na etapa de popular dados, porém podem apresentar problemas de performance como consequência da escalabilidade do BD (Demanda de usuários, aumento na quantidade

total de dados) (FRACZEK & PLECHAWSKA-WOJCIK, 2017). Mesmo assim a utilização de banco de dados relacionais é vantajosa para realizar análises de similaridade entre sequências genéticas, podendo processar diferentes conjuntos de dados e simplificando a interpretação dos resultados, além disso tem a capacidade de integrar diversos tipos de informação além dos dados genéticos, como a taxonomia, meios de coleta, extração, estado de conservação e muito mais (PEARSON; MACKAY, 2017).

O banco de dados não relacional pode ser considerado para realizar projetos com grandes quantidades de dados de sequenciamento, dentre outros dados que utilizem agrupamento de dados nas análises. A sua flexibilidade permite o gerenciamento de dados não estruturados e uma melhor resposta à escalabilidade do sistema, performando mais rápido nas consultas dos dados. A implementação de BD não relacional pode reduzir os custos de infraestrutura para armazenar os dados genéticos, permitindo a utilização de um *hardware* de menor potência sem afetar a performance (SCHULZ, 2016; FRACZEK & PLECHAWSKA-WOJCIK, 2017; MOREIRA SOUZA *et al.*, 2021).

6 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Através da prospecção tecnológica e revisão integrativa, não foi encontrado um programa que cumpra as intenções do DRAGOA, porém foi possível identificar as demandas para a criação de um sistema de gestão de dados que visa realizar análises de compatibilidade genética para cruzamento e monitoramento de consanguinidade.

Considerando as dificuldades e limitações associadas ao desenvolvimento e à manutenção de um banco de dados, sugere-se a criação de um projeto multidisciplinar com estudantes da biologia e do departamento de Informática e Estatística do CTC UFSC, para atualizar o DRAGOA de acordo com as demandas identificadas e funções desejadas para o seu funcionamento, como uma função automatizada utilizando *softwares* de análise de parentesco como por exemplo o *Colony*, mostrando para o usuário de forma objetiva quais dos indivíduos registrados formam os melhores pares exogâmicos para a reprodução da espécie, e a realização de programas de conservação *ex situ*. Para a integração do *Colony* recomenda-se uma abordagem de programação híbrida, utilizando a linguagem PHP para a construção das funções web e da interface de usuário, enquanto a linguagem Python pode ser utilizada para o processamento de dados no *backend*, como a execução do *Colony* no servidor, inserção dos dados selecionados, coleta e envio dos resultados para o *frontend* para que o usuário possa visualizar o resultado das análises.

Para a padronização dos dados genéticos arquivados no BD, recomenda-se a utilização do *software PGDSpider* que é capaz de converter diversos arquivos de dados utilizados em estudos de Genética de Populações, transformando-os no formato desejado para realizar a sua análise como, FASTA, SAM/BAM, XML entre outros formatos. O programa é escrito em Java, possuindo sua própria Interface de Usuário gráfica e tem a sua versão em linha de comando, possibilitando a sua incorporação em uma *pipeline* de análise de dados (LISCHER; EXCOFFIER, 2012), outra alternativa é hibridizar a linguagem SQL com Python para realizar a estruturação, inserção e recuperação das informações genéticas registradas no BD, onde é recuperado os arquivos de texto do *header* e sequência, convertendo-os em um arquivo FASTA para serem utilizados nas análises desejadas. Também é possível estruturar o DRAGOA em

NoSQL, facilitando a integração com *software* e prevenindo problemas de escalabilidade no futuro.

Com as devidas adaptações o DRAGOA pode se tornar uma ferramenta promissora a facilitar a formação de pares não endogâmicos entre as populações cativas das espécies ameaçadas no Brasil, permitindo que os testes e tentativas de reprodução possam ser feitos com mais prontidão de acordo com a elaboração dos PANs futuramente.

REFERÊNCIAS

- AFIQAHALENG, N.; DANISH-DANIEL, M.; MOHD NOR, S. A.; RAZALI, et al. Applications of next-generation sequencing technologies and computational tools in molecular evolution and aquatic animals conservation studies: a short review. SAGE Publications, 2019.
- AJAYI, S. S.. Chapter 9 - Principles for the management of protected areas. In: AJAYI, S. S.. Wildlife Conservation in Africa: a scientific approach. San Diego: Academic Press, 2019. p. 85-93. ISBN 978-0-12-816962-9.
- AMLA, N.; JUKAN, A.; MASIP-BRUIN, X. Smart Computing and Sensing Technologies for Animal Welfare: A Systematic Review. 2016.
- ANDERSON, G. J.; CAUJAPÉ-CASTELLS, J.; GRAMAZIO, P.; JAÉN-MOLINA, et al. Fostering Conservation via an Integrated Use of Conventional Approaches and High-Throughput SPET Genotyping: A Case Study Using the Endangered Canarian Endemics *Solanum lidii* and *S. vespertilio* (Solanaceae). *Frontiers Media SA*, 2020.
- ARIF, I.; KHAN, H.; BAHKALI, A.; HOMAIDAN, A.; FARHAN, A.; SADOON, M.; SHOBRAK, M. DNA marker technology for wildlife conservation. *Saudi Journal of Biological Sciences*, v. 18, n. 3, p. 219–225, 1 jul. 2011. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1319562X11000234>>.
- AYALA-BURBANO, P. A.; GALETTI JUNIOR, P. M.; WORMELL, D.; PISSINATTI, A.; MARQUES, M. C.; DE FREITAS, P. D. Studbook and molecular analyses for the endangered black-lion-tamarin; an integrative approach for assessing genetic diversity and driving management in captivity. *Scientific Reports*, v. 10, n. 1, 22 abr. 2020.
- BARDIN, L. *Análise de Conteúdo*. São Paulo: Edições 70, 2011. 277 p. Tradução de Luís Antero Reto e Augusto Pinheiro.
- BIAZON, T. O. Variabilidade genética e estrutura populacional do tubarão cabeça-chata, *Carcharhinus leucas*, no Atlântico Ocidental utilizando marcadores moleculares do DNA mitocondrial. 2015. Trabalho de Conclusão de Curso (graduação) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), 2015.
- BLACK, A. N. An Integrative Assessment Of The Ex Situ Conservation And Reintroduction Of An Endangered Species Of Pupfish (*Cyprinodon bovinus*): Investigation Of Genetic, Morphological and Behavioral Variation. Lehigh Preserve, 2015.
- BORTH, M. R.; DO SUL, Campo Grande–Mato Grosso. Classificação Automática de Espécies de Peixe Utilizando Reconhecimento Sintático de Padrões. Tese (Doutorado em Ciência da Informação) –Programa de Pós-Graduação Stricto Sensu em Ciências Ambientais e Sustentabilidade Agropecuária, Universidade Católica Dom Bosco, 2017.

BRASIL. Lei nº 11.516, de 28 de agosto de 2007. Dispõe sobre a criação do Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade - Instituto Chico Mendes. Diário Oficial da União, Brasília, DF, 28 out. 2007. Disponível em: <<https://legis.senado.leg.br/norma/572668>>. Acesso em: 20 out. 2024.

BRASIL. Lei nº 7.173, de 14 de dezembro de 1983. Dispõe sobre o estabelecimento e funcionamento de jardins zoológicos, e dá outras providências. Diário Oficial da União, Brasília, DF, 15 dez. 1983. Disponível em: <<https://www2.camara.leg.br/legin/fed/lei/1980-1987/lei-7173-14-dezembro-1983-356775-publicacaooriginal-1-pl.html>>. Acesso em: 20 out. 2024.

BRASIL. Ministério do Meio Ambiente. Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade. Planos de Ação Nacional para a Conservação de Espécies Ameaçadas de Extinção. [Brasília]: MMA, [2024]. Disponível em: <https://www.gov.br/icmbio/pt-br/assuntos/biodiversidade/pan>. Acesso em: 18 Set. 2024.

BRAZILIAN ZOOLOGY GROUP. Catálogo Taxonômico da Fauna do Brasil. v. 1.2. No organization, 2023. Dataset/Checklist. Disponível em: https://ipt.jbrj.gov.br/jbrj/resource?r=catalogo_taxonomico_da_fauna_do_brasil&v=1.2.

BUENO, A. B. da S. Análise genômica de híbridos e não híbridos de Olhos-de-fogo (gênero *Pyriglena*, Aves: *Thamnophilidae*) da Floresta Atlântica. 2017. Dissertação (Mestrado em Biologia (Genética)) - Instituto de Biociências, Universidade de São Paulo, São Paulo, 2017. doi:10.11606/D.41.2017.tde-25112017-162250.

CARDINALE, B. J.; DUFFY, J. E.; GONZALEZ, A.; HOOPER, D. U.; PERRINGS, C.; VENAIL, P.; NARWANI, A.; MACE, G. M.; TILMAN, D.; WARDLE, D. A.; KINZIG, A. P.; DAILY, G. C.; LOREAU, M.; GRACE, J. B.; LARIGAUDERIE, A.; SRIVASTAVA, D. S.; NAEEM, S. Biodiversity loss and its impact on humanity. *Nature*, v. 486, n. 7401, p. 59–67, jun. 2012. Disponível em: <<https://www.nature.com/articles/nature11148>>.

CARDINALE, B. J.; SRIVASTAVA, D. S.; EMMETT DUFFY, J.; WRIGHT, J. P.; DOWNING, A. L.; SANKARAN, M.; JOUSEAU, C. Effects of biodiversity on the functioning of trophic groups and ecosystems. *Nature*, v. 443, n. 7114, p. 989–992, out. 2006.

CEBALLOS, G.; EHRLICH, P. R.; BARNOSKY, A. D.; GARCÍA, A.; PRINGLE, R. M.; PALMER, T. M. Accelerated Modern Human-induced Species losses: Entering the Sixth Mass Extinction. *Science Advances*, v. 1, n. 5, 19 jun. 2015.

COLELLA, J. P.; SILVESTRI, L.; SÚZAN, G.; WEKSLER, M.; COOK, J. A.; LESSA, E. P. Engaging with the Nagoya Protocol on Access and Benefit-Sharing: recommendations for noncommercial biodiversity researchers. *Journal of Mammalogy*, v. 104, n. 3, p. 430–443, 2023.

COOKE, A.; SMITH, D.; BOOTH, A. Beyond PICO: The SPIDER Tool for Qualitative Evidence Synthesis. *Qualitative Health Research*, 22, n. 10, p. 9, 2012.

COSTA, M. C.; SILVA, J. A. O desenvolvimento de bancos de dados genômicos têm permitido a organização e o armazenamento seguro de informações genéticas, garantindo maior eficiência na tomada de decisões sobre estratégias de conservação. *Revista de Genética e Conservação*, v. 15, n. 2, p. 123-135, 2020.

CUPANI, A. La peculiaridad del conocimiento tecnológico. *Scientiae Studia*, São Paulo, v. 4, n. 3, p. 353-71, 2006.

DONKOR, E. S.; DAYIE, N. T.; ADIKU, T. K. Bioinformatics with basic local alignment search tool (BLAST) and fast alignment (FASTA). *Journal of Bioinformatics and Sequence Analysis*, v. 6, n. 1, p. 1-6, 2014.

DUBBERLY, H. How do you desing? Dubberly Desing Office. 2008. Disponível em : http://www.dubberly.com/wp-content/uploads/2008/06/ddo_designprocess.pdf .

DUFFY, K.; GOUHIER, T. C.; GANGULY, A. R. Climate-mediated shifts in temperature fluctuations promote extinction risk. *Nature Climate Change*, v. 12, p. 1–8, 20 out. 2022. Disponível em: <<https://www.nature.com/articles/s41558-022-01490-7>>.

ELMASRI, R.; NAVATHE, S. B. *Sistemas de banco de dados* (4a. ed.). São Paulo: Pearson Educación, 2005.

FALCÃO, L. H. O. Subsídios para a conservação de vertebrados marinhos: identificação molecular e monitoramento do comércio online. 2017. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Pernambuco, 2017.

FARIA, C. C. de. Monitoramento de biodiversidade em múltiplas escalas: o caso do Parque Nacional da Serra dos Órgãos. 2023. 199 f. Tese(Doutorado em Meio Ambiente) - Universidade do Estado do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, 2023.

FELIPE, C. B. M. Compatibilização Semântica: uma proposta de melhoria para integração de dados científicos em Biodiversidade. Orientadora: Profa. Dra. Luana Farias Sales. 2023. Tese (Doutorado em Ciência da Informação) – Escola de Comunicação, Universidade Federal do Rio de Janeiro – Programa de Pós-Graduação em Ciência da Informação, Instituto Brasileiro de Informação em Ciência e Tecnologia, Rio de Janeiro, 2023.

FIENIEG, E.S.; GALBUSERA, P. The use and integration of molecular DNA information in conservation breeding programmes: a review. *Journal of Zoo and Aquarium Research*, v.1, 2013.

FLORA E FUNGA DO BRASIL. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Disponível em: <http://floradobrasil.jbrj.gov.br/>. Acesso em: 14 set. 2024.

FONSECA, M. K. X. Genética da Conservação do gavião-real (*Harpia harpyja*, Linnaeus, 1758) no Brasil. 2023. 86 f. Dissertação (Mestrado em Zoologia) - Universidade Federal do Amazonas, Manaus (AM), 2023.

FRACZEK, K.; PLECHAWSKA-WOJCIK, M. Comparative Analysis of Relational and Non-relational Databases in the Context of Performance in Web Applications. Beyond Databases, Architectures and Structures. Towards Efficient Solutions for Data Analysis and Knowledge Representation, v. 716, p. 153–164, 2017.

FRANKHAN, R. Challenges and opportunities of genetic approaches to biological conservation. *Journal of Biological Conservation*, v. 143, 1919-1927, 2010.

FUKANO, Y.; TANAKA, Y.; SOGA, M. Zoos and animated animals increase public interest in and support for threatened animals. *Science of The Total Environment*, v. 704, p. 135352, fev. 2020. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0048969719353446>.

GADELHA, L.; GUIMARÃES, P.; MOURA, A. M.; DRUCKER, D.; DALCIN, E.; GALL, G.; LEO, W. SiBBR: uma infraestrutura para coleta, integração e análise de dados sobre a biodiversidade Brasileira. In: *Brazilian e-Science Workshop (BreSci)*, 2014. p. 37-44.

GAFFNEY, J.; TIBEBU, R.; BART, R.; BEYENE, G.; GIRMA, D.; KANE, N. A.; MACE, E.; MOCKLER, T. C.; NICKSON, T. E.; TAYLOR, N. J.; ZASTROW-HAYES, G. Open access to genetic sequence data maximizes value to scientists, farmers, and society. *Global Food Security*, v. 26, p. 100411–100411, 1 set. 2020.

GAIJI, S.; CHAVAN, V.; ARIÑO, A. H.; OTEGUI, J.; HOBERN, D.; SOOD, R.; ROBLES, E. Avaliação de conteúdo dos dados primários de biodiversidade publicados pela rede GBIF: status, desafios e potenciais. *Biodiversity Informatics*, v. 8, n. 2, 2013.

GASPARINI-MORATO, R. L.; SARTORELLO, L.; RAMPIM, L.; FRAGOSO, C. E.; MAY JR, J. A.; TELES, P.; HABERFELD, M.; CUNHA DE PAULA, R.; GONÇALVES MORATO, R. Is reintroduction a tool for the conservation of the jaguar *Panthera onca*? A case study in the Brazilian Pantanal. *Oryx*, v. 55, n. 3, p. 461-465, 2021.

GOVERNO DO BRASIL. Acordo de Paris. Tradução do Ministério da Ciência, Tecnologia, Inovações e Comunicações. Brasília: MCTIC, 2021. Disponível em: https://www.gov.br/mcti/pt-br/acompanhe-o-mcti/sirene/publicacoes/acordo-de-paris-e-n-dc/arquivos/pdf/acordo_paris.pdf. Acesso em: 20 Out 2024.

HARTL, D. L.; CLARK, A. G. *Princípios de Genética de Populações*. 4. ed. [s.l.] Artmed, 2010. p. 660

HELMY, M.; CRITS-CHRISTOPH, A.; BADER, G. D. Ten Simple Rules for Developing Public Biological Databases. *PLOS Computational Biology*, v. 12, n. 11, p. e1005128, 10 nov. 2016. Acesso em: 22 fev. 2020.

HRBEK, T.; DA SILVA, V.M.F.; DUTRA, N.; GRAVENA, W.; MARTIN, A.R. & FARIAS, I.P. 2014. A new species of river dolphin from Brazil or: how little do we know our biodiversity. *PLoS One*, 9 (1): 1–12.

HUDSON, L. N.; NEWBOLD, T.; CONTU, S.; HILL, S. L. L.; LYSENKO, I.; DE PALMA, A.; PHILLIPS, H. R. P.; SENIOR, R. A.; BENNETT, D. J.; BOOTH, H.; CHOIMES, A.; CORREIA, D. L. P.; DAY, J.; ECHEVERRÍA-LONDOÑO, S.; GARON, M.; HARRISON, M. L. K.; INGRAM, D. J.; JUNG, M.; KEMP, V.; KIRKPATRICK, L. The PREDICTS database: a global database of how local terrestrial biodiversity responds to human impacts. *Ecology and Evolution*, v. 4, n. 24, p. 4701–4735, dez. 2014. Disponível em: <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4278822/>>.

HUTCHINS, M.; MARRA, P. P.; DIEBOLD, E.; KREGER, M. D.; SHEPPARD, C.; HALLAGER, S.; LYNCH, C. The evolving role of zoological parks and aquariums in migratory bird conservation. *Zoo Biology*, v. 37, n. 5, p. 360–368, set. 2018.

IUCN. 2022 IUCN SSC Hippo Specialist Group Report. Gland, Suíça: IUCN, 2022. Disponível em: <https://iucn.org/sites/default/files/2024-02/2022-iucn-ssc-hippo-sg-report_publication.pdf>. Acesso em: 05 out. 2024.

IUCN. Species Survival Commission Guidelines on the Use of Ex Situ Management for Species Conservation. Version 2. Gland, Suíça: IUCN, 2014.

KAREIVA, P.; MARVIER, M. What Is Conservation Science? *BioScience*, v. 62, n. 11, p. 962–969, nov. 2012.

KOTAS, J. E.; BARRETO, R.; SANTOS, R. A. dos; LESSA, R.; ROSA, R. S.; VIZUETE, E. P.; BAGGIO, M. R.; SALGE, P. G.; TAVARES, F. E.; GADIG, O. B. F. Plano de Ação Nacional para Conservação dos Tubarões e Raias Marinhos Ameaçados de Extinção. Brasília (DF): ICMBio/CEPSUL, 2023. 384 p. ISBN 9786556930640. Disponível em: https://www.icmbio.gov.br/cepsul/images/stories/biblioteca/download/livros_digitais/Biodiversidade/Livro_Pan_Tubar%C3%B5es_2023_vfinal_23_digital_compacto_compressed_1.pdf. Acesso em: 05 out. 2024.

LAHIRI, D. K.; NUMBERGER, J. I. A rapid non-enzymatic method for the preparation of HMW DNA from blood for RFLP studies. *Nucleic Acids Research*, v. 19, n. 19, p. 5444–5444, 1991.

LEWINSOHN, T. M.; PRADO, P. I. How Many Species Are There in Brazil? *Conservation Biology*, v. 19, n. 3, p. 619–624, 29 dez. 2004.

LIBERATI, A.; ALTMAN, D. G.; TETZLAFF, J.; MULROW, C. et al. The PRISMA Statement for Reporting Systematic Reviews and Meta-Analyses of Studies That Evaluate Health Care Interventions: Explanation and Elaboration. *PLoS Medicine*, 6, n. 7, p. 28, 2009.

LISCHER, H. E. L.; EXCOFFIER, L. PGDSpider: an automated data conversion tool for connecting population genetics and genomics programs. *Bioinformatics*, v. 28, n. 2, p. 298–299, 21 nov. 2011.

LIVRO VERMELHO DA FAUNA BRASILEIRA AMEAÇADA DE EXTINÇÃO. 1. ed. Brasília (DF): ICMBio/MMA, 2018. v. 1

MARTINO, S. di; DONADÍO, E.; HEINONEN, S. Rewilding en la Argentina. São Paulo: Documenta Pantanal, 2023. 280 p. ISBN 978-65-996829-6-4. Tradução: Fernando A. S. Fernandez.

MATA, J. C.; BUITENWERF, R.; SVENNING, J.-C. Enhancing monitoring of rewilding progress through wildlife tracking and remote sensing. PLOS ONE, v. 16, n. 7, p. e0253148, 9 jul. 2021.

MAYR, E. Populações, espécies e evolução. São Paulo: Ed. Nacional, 1977. 485 p.

MELO, B. F.; BENINE, R. C.; MARIGUELA, T. C.; OLIVEIRA, C. A new species of *Tetragonopterus* Cuvier, 1816 (Characiformes: Characidae: Tetragonopterinae) from the rio Jari, Amapá, northern Brazil. Neotropical Ichthyology, v. 9, n. 1, p. 49–56, 1 mar. 2011.

MIÑO, C. I.; RUSSELLO, M. A.; GONÇALVES, P. F. M.; DEL LAMA, S. N. Reconstructing genetic mating systems in the absence of parental information in colonial breeding waterbirds. BMC Evolutionary Biology, v. 11, n. 1, 8 jul. 2011. Acesso em: 2 maio. 2023.

MIRANDA, R.; ESCRIBANO, N.; CASAS, M.; PINO-DEL-CARPIO, A.; VILLARROYA, A. The Role of Zoos and Aquariums in a Changing World. Annual Review of Animal Biosciences, v. 11, n. 1, p. 287–306, 20 out. 2022. Disponível em: <<https://www.annualreviews.org/content/journals/10.1146/annurev-animal-050622-104306>>.

MIYA, M.; NISHIDA, M. Use of Mitogenomic Information in Teleostean Molecular Phylogenetics: A Tree-Based Exploration under the Maximum-Parsimony Optimality Criterion. Molecular Phylogenetics and Evolution, v. 17, n. 3, p. 437–455, dez. 2000.

MMA. Gabinete do Ministro - Portaria MMA Nº 148, 7 de junho de 2022. [S. l.: s. n.], 2022. Disponível em: https://www.icmbio.gov.br/cepsul/images/stories/legislacao/Portaria/2020/P_mma_148_2022_altera_anexos_P_mma_443_444_445_2014_atualiza_especies_ameacadas_extinctivo.pdf

MODESTO, P.; BIOLATTI, C.; FAVARO, L.; COLUSSI, S.; PELETTI, S.; PIGA, S.; MARIA VITTORIA RIINA; PESSANI, D.; EGLE TRINCAS; ISAJA, V.; PIER LUIGI ACUTIS. Molecular Genetics Unveiled Unknown Family Relationships and Hybrids in an Ex-Situ Colony of African Penguins (*Spheniscus demersus*). Journal of Heredity, v. 109, n. 6, p. 653–662, 24 ago. 2018.

MONTEIRO, R. S. Isolamento de microssatélites e análise genética de ararinha-azul (*Cyanopsitta spixii*, Aves, Psittaciformes). 2015. Dissertação (Mestrado) - Universidade de São Paulo, 2015.

MORA, C.; ABURTO-OROPEZA, O.; AYALA BOCOS, A.; AYOTTE, P. M.; BANKS, S.; BAUMAN, A. G.; BEGER, M.; BESSUDO, S.; BOOTH, D. J.; BROKOVICH, E.; BROOKS, A.; CHABANET, P.; CINER, J. E.; CORTÉS, J.; CRUZ-MOTTA, J. J.; CUPUL MAGAÑA, A.; DEMARTINI, E. E.; EDGAR, G. J.; FEARY, D. A.; FERSE, S. C. A. Global Human Footprint on the Linkage between Biodiversity and Ecosystem Functioning in Reef Fishes. *PLoS Biology*, v. 9, n. 4, p. e1000606, 5 abr. 2011.

MOREIRA SOUZA, A.; WEIGERT, R. de A. S.; DE SOUSA, E. P. M.; ANDRIETTA, L. T.; VENTURA, R. V. Practical implications of using non-relational databases to store large genomic data files and novel phenotypes. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, v. 139, n. 1, p. 100–112, 29 ago. 2021. Acesso em: 14 fev. 2025.

MUKHERJEE, S.; MUKHERJEE, A. Short Communication: The Importance of Modern Zoos and Animal Sanctuaries in Promoting Wildlife Conservation and Education. *Journal of science, humanities and arts*, v. 10, n. 2, 1 jan. 2023.

MYERS, N.; MITTERMEIER, R. A.; MITTERMEIER, C. G.; DA FONSECA, G. A. B.; KENT, J. Biodiversity hotspots for conservation priorities. *Nature*, v. 403, n. 6772, p. 853–858, fev. 2000.

OFFORD, C. A. Germplasm Conservation. *Encyclopedia of Applied Plant Sciences*, v. 2, n. 2, p. 281–288, 2017.

OLIVEIRA, I. S. de. Estudos populacionais e prospecções genômicas de *Bothrops insularis* (Serpentes, Viperidae): implicações para a conservação. 2022. Dissertação (Mestrado em Biotecnologia) - Biotecnologia, Universidade de São Paulo, São Paulo, 2022. doi:10.11606/D.87.2022.tde-25102023-130954.

OLIVEIRA, R. B. C.. Genética molecular na identificação de espécies de raias exploradas comercialmente no estado de São Paulo. 2020. Dissertação (Mestrado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), 2020.

PARDO, P. P.. Identificação, caracterização e validação de sequências microssatélites no genoma do mico-leão-preto (*Leontopithecus chrysopygus*). 2015. Dissertação (Mestrado em Conservação da Fauna) – Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, 2015.

PEARSON, W. R.; MACKEY, A. J. Using SQL Databases for Sequence Similarity Searching and Analysis. *Current Protocols in Bioinformatics*, v. 59, n. 1, set. 2017.

PETERS, M. D. J. et al. Scoping reviews. In: AROMATARIS, E.; MUNN, Z. (ed.). *JBI manual for evidence synthesis*. Adelaide, Australia: JBI, 2020. Cap. 11. Disponível em: <https://jbiglobal-wiki.refined.site/space/MANUAL/4687342/Chapter+11%3A+Scoping+reviews>. Acesso em 29 jul. 2022.

PURCHASE, C.; LUGARINI, C.; PURCHASE, C.; FERREIRA, A.; VERCILLO, U. E.; STAFFORD, M. L.; WHITE, T. H. Reintroduction of the Extinct-in-the-Wild Spix's Macaw

(*Cyanopsitta spixii*) in the Caatinga Forest Domain of Brazil. *Diversity*, v. 16, n. 2, p. 80, 1 fev. 2024. Disponível em: <<https://www.mdpi.com/1424-2818/16/2/80>>.

QUEIROZ, A. L. L.. Aplicações da genética na conservação e combate ao tráfico de animais silvestres. 2021. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, 2021.

RAMOS, M. G.. DNA Barcoding na identificação de espécies de tubarões exploradas comercialmente no litoral de São Paulo. 2016. Dissertação (Mestrado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), 2016.

ROSE, P. E.; NASH, S. M.; RILEY, L. M. To pace or not to pace? A review of what abnormal repetitive behavior tells us about zoo animal management. *Journal of Veterinary Behavior*, v. 20, p. 11–21, jul. 2017. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S155878781730045X>>.

SAYERS, E. W.; CAVANAUGH, M.; CLARK, K.; OSTELL, J.; PRUITT, K. D.; KARSCH-MIZRACHI, I. GenBank. *Nucleic Acids Research*, v. 48, n. D1, 29 out. 2019.

SCHMITZ, O. J.; SYLVÉN, M.; ATWOOD, T. B.; BAKKER, E. S.; BERZAGHI, F.; BRODIE, J. F.; CROMSIGT, J. P. G. M.; DAVIES, A. B.; LEROUX, S. J.; SCHEPERS, F. J.; SMITH, F. A.; STARK, S.; SVENNING, J.-C.; TILKER, A.; YLÄNNE, H. Trophic rewilding can expand natural climate solutions. *Nature Climate Change*, v. 13, n. 4, p. 324–333, 1 abr. 2023. Disponível em: <<https://www.nature.com/articles/s41558-023-01631-6>>.

SCHULZ, W. L.; NELSON, B. G.; FELKER, D. K.; DURANT, T. J. S.; TORRES, R. Evaluation of relational and NoSQL database architectures to manage genomic annotations. *Journal of Biomedical Informatics*, v. 64, n. 64, p. 288–295, dez. 2016. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1532046416301526>.

SERIQUE, K. J. do A.. Uma infraestrutura semântica para integração de dados científicos sobre biodiversidade. 2017. Tese (Doutorado em Ciências de Computação e Matemática Computacional) - Instituto de Ciências Matemáticas e de Computação, Universidade de São Paulo, São Carlos, 2017. doi:10.11606/T.55.2018.tde-31072018-161233.

SHERIDAN, C. Coronavirus and the race to distribute reliable diagnostics. *Nature Biotechnology*, n. 38, p. 382–384, 19 fev. 2020.

SILVA, E. C. da. Genética da conservação de suínos localmente adaptados no Brasil: uso de ferramentas genômicas e geográficas. 2015. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Viçosa, 2015.

SILVA, K. K. A. da. Bioinformática aplicada à análise da distribuição geográfica de tartarugas marinhas. 2023. 61 f. Trabalho de Conclusão de Curso (Bacharelado em Ciências Biológicas) – Centro de Ciências, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2023.

STAFFEN, C. F. Identificação biológica e adulteração de pescados comercializados em peixarias de Florianópolis/SC através de DNA barcoding. Trabalho de Conclusão de Curso (TCC em Ciências Biológicas) – Universidade Federal de Santa Catarina. Florianópolis. p. 60. 2015b.

STAFFEN, C. F.; STAFFEN, M. D.; BECKER, M. L.; LÖFGREN, S. E.; MUNIZ, Y. C. N.; DE FREITAS, R. H. A.; MARRERO, A. R. DNA barcoding reveals the mislabeling of fish in a popular tourist destination in Brazil. *PeerJ*, v. 5, p. 13, 29 nov. 2017.

STAFFEN, M. D. Uso da técnica molecular DNA barcode na identificação de substituições fraudulentas de pescados comercializados em restaurantes de culinária japonesa de Florianópolis/SC. Trabalho de Conclusão de Curso (TCC em Ciências Biológicas) – Universidade Federal de Santa Catarina. Florianópolis. p. 65. 2015a.

STEIN, L. D. Integrating biological databases. *Nature Reviews Genetics*, v. 4, n. 5, p. 337–345, maio 2003.

STEPHENS, Z. D.; LEE, S. Y.; FAGHRI, F.; CAMPBELL, R. H.; ZHAI, C.; EFRON, M. J.; IYER, R.; SCHATZ, M. C.; SINHA, S.; ROBINSON, G. E. Big Data: Astronomical or Genomical? *PLOS Biology*, v. 13, n. 7, p. e1002195, 7 jul. 2015. Disponível em: <<https://journals.plos.org/plosbiology/article?id=10.1371/journal.pbio.1002195>>.

TAMASAUSKAS, P. F. L.F. . . Estratégia de conservação do primata (*Cebus kaapori*) a partir de Corredor Ecológico na área de endemismo Belém, Pará. In: Marlúcia Bonifácio Martins, Mário Augusto G. Jardim, William de Oliveira Sabino e Maria Fabíola Gomes da Silva de Barros. (Org.). *Reflexões em Biologia da Conservação*. 1ed. Belém: Museu Paraense Emílio Goeldi, 2020, v. 2, p. 13-298.

TEIXEIRA, L. P. Prospecção tecnológica: importância, métodos e experiências da Embrapa Cerrados. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2013. Disponível em: <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/981247/prospeccao-tecnologica-importancia-metodos-e-experiencias-da-embrapa-cerrados> Acesso em: 17 fev. 2024.

TOURINHO, F. S. V. et al. (org.). *Desenvolvimento de tecnologias em pesquisa e saúde: da teoria à prática*. Guarujá - SP: Científica Digital, 2022.

TREVISAN, D. M. de Q.. Filhote - ferramenta de suporte à análise e interpretação de dados biológicos. 2015. 92f. Dissertação (Mestrado em Modelagem Computacional e Sistemas) – Universidade Federal do Tocantins, Programa de Pós-graduação em Modelagem Computacional e Sistemas, Palmas, 2015.

TRIBE, A.; BOOTH, R. Assessing the Role of Zoos in Wildlife Conservation. *Human Dimensions of Wildlife*, v. 8, n. 1, p. 65–74, jan. 2003.

TRICCO, A. C. et al. PRISMA extension for scoping reviews (PRISMA-ScR): checklist and explanation. *Annals of Internal Medicine*, Philadelphia, v. 169, n. 7, p. 467-473, Oct. 2018.

URBAN, M. C.; ALBERTI, M.; DE MEESTER, L.; ZHOU, Y.; VERRELLI, B. C.; SZULKIN, M.; SCHMIDT, C.; SAVAGE, A. M.; ROBERTS, P.; RIVKIN, L. R.; PALKOVACS, E. P.; MUNSHI-SOUTH, J.; MALESIS, A. N.; HARRIS, N. C.; GOTANDA, K. M.; GARROWAY, C. J.; DIAMOND, S. E.; ROCHES, S. D.; CHARMANTIER, A.; BRANS, K. I. Interactions between climate change and urbanization will shape the future of biodiversity. *Nature Climate Change*, v. 14, p. 1–12, 26 abr. 2024. Disponível em: <<https://www.nature.com/articles/s41558-024-01996-2>>.

VERCILLO, U. E.; MORATO, R. G.; CUNHA, A. de A.; DE MARCO, P.; STRIER, K. B.; MITTERMEIER, R. A.; FRANCO, J. L. de A. Action Plans for Species Conservation are an Important Tool to Meet Global and National Biodiversity Targets – a Study Case in Brazil. *Journal for Nature Conservation*, v. 71, n. 126324, p. 126324, dez. 2022.

VIÉ, J-C; HILTON-TAYLOR, C.; STUART, S. N.; INTERNATIONAL UNION FOR CONSERVATION OF NATURE AND NATURAL RESOURCES. *Wildlife in a changing world : an analysis of the 2008 IUCN red list of threatened species*. Gland, Switzerland: IUCN, 2009.

WHITTEMORE, R.; KNAFL, K. The integrative review: updated methodology. *Journal of Advanced Nursing*, 22, n. 5, p. 8, 2005.

WORLD HEALTH ORGANIZATION. *Framework and standards for country health information systems*: 2. ed. Geneve: Who, 2012

WORM, B.; BARBIER, E. B.; BEAUMONT, N.; DUFFY, J. E.; FOLKE, C.; HALPERN, B. S.; JACKSON, J. B. C.; LOTZE, H. K.; MICHELI, F.; PALUMBI, S. R.; SALA, E.; SELKOE, K. A.; STACHOWICZ, J. J.; WATSON, R. Impacts of Biodiversity Loss on Ocean Ecosystem Services. *Science*, v. 314, n. 5800, p. 787–790, 3 nov. 2006. Disponível em: <<https://www.science.org/doi/10.1126/science.1132294>>.

WOSNICK, N.; LEITE, R. D.; GIARETA, E. P.; NUNES, A. R. O. P.; NUNES, J. L. S.; CHARVET, P.; MONTEIRO-FILHO, E. L. A. Evaluating conservation status and governmental efforts towards regional flagship species in Brazil. *Journal of Environmental Management*, v. 292, n. 112732, p. 112732, ago. 2021.

XIA, X.-Q.; MCCLELLAND, M.; WANG, Y. TabSQL: a MySQL tool to facilitate mapping user data to public databases. *BMC Bioinformatics*, v. 11, n. 1, 23 jun. 2010. Acesso em: 13 ago. 2020.

XIONG, J. *Essential Bioinformatics*. Cambridge University Press, 2006.

ZIPPEL, K.; JOHNSON, K.; GAGLIARDO, R.; GIBSON, R.; MCFADDEN, M.; BROWNE, R.; MARTINEZ, C.; TOWNSEND, E. The Amphibian Ark: a global community for ex situ conservation of amphibians. *Hepertological Conservation and Biology*, v. 6, n. 3, p. 340–352, 31 dez. 2011. Disponível em: <https://herpconbio.org/Volume_6/Issue_3/Zippel_etal_2011.pdf>.

Zoonomia Consortium. A comparative genomics multitool for scientific discovery and conservation. *Nature*. 2020 Nov;587(7833):240-245. doi: 10.1038/s41586-020-2876-6. Epub 2020 Nov 11. PMID: 33177664; PMCID: PMC7759459.

APÊNDICE A – PROTOCOLO DE PROSPECÇÃO

 UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA CATARINA PROTOCOLO PARA PROSPECÇÃO TECNOLÓGICA	
I. Apresentação Protocolo de prospecção tecnológica para desenvolvimento da dissertação de mestrado intitulado: DRAGON - Protótipo de um banco de dados biológicos para fins de conservação.	
O estudo está sendo desenvolvido pelo Mestrando Caio Tourinho Pereira e orientadora Dra Andrea Rita Marrero do Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e do Desenvolvimento da Universidade Federal de Santa Catarina	
Referências BAHRUTH, E. B. Prospecção tecnológica na priorização de atividades de C&T: caso QTROP-TB. 2004. 364p. Tese (Doutorado em Engenharia Química) – Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ), Escola de Química, Rio de Janeiro, 2004. ILHA, Patrícia. Web-app para gestão em simulação: uma prática a ser aplicada. 2018, 231 p. Tese (doutorado em enfermagem) – Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), Florianópolis, 2018. MAYERHOFF, Z. D. V. L. Uma análise sobre os estudos de prospecção tecnológica. Cadernos de Prospecção, v. 1, n. 1, p. 7-9, 2008. Disponível em: Acesso em: 04 abr. 2021	
II. Recursos humanos Biólogo Caio Tourinho Pereira Dra Andrea Rita Marrero	
III. Participação dos pesquisadores Pesquisa em bases de dados de propriedade intelectual previamente selecionadas, seleção dos sistemas da área, análise dos dados, tabulação e redação dos resultados.	
IV. Validação externa do protocolo Profa. Dr ^a Andrea Rita Marrero ¹ Profa ^a Dr ^a Francis Solange Vieira Tourinho ² 1 Programa de Pós-graduação em Biologia Celular e do Desenvolvimento 2 Programa de Pós-graduação em Enfermagem	
V. Pergunta Quais sistemas de informática foram desenvolvidos para armazenar e processar dados genéticos?	
VI. Objetivo O objetivo principal desta prospecção foi investigar sistemas de informática aplicáveis à genética, com foco naqueles que auxiliam no armazenamento e processamento de dados biológicos para fins de pesquisa.	
VII. Desenho do estudo	



- Escolha da pergunta de pesquisa;
- Definição dos critérios de inclusão e exclusão dos aplicativos;
- Seleção das lojas virtuais para busca;
- Inclusão dos aplicativos selecionados em formato de tabela construída a partir do Microsoft Excel;
- Discussão e análise dos resultados;
- Apresentação do estudo em forma de artigo científico.

VIII. Critérios de inclusão

Os critérios de inclusão abrangeram sistemas de informática (incluindo propriedades intelectuais/patentes e plataformas web) voltados para a genética e disponíveis nas plataformas de propriedade intelectual do Brasil (INPI) e da Europa (EPO), e sistemas web.

IX. Critérios de exclusão

Os critérios de exclusão envolveram sistemas que não estavam disponíveis em português, inglês ou espanhol, aqueles sem relação direta com a genética, e sistemas duplicados nas plataformas analisadas.

X. Estratégias de busca (Pesquisa avançada)

Palavras chaves em português, inglês e espanhol:

- Genética/ Genetics/ Genética/
- Biologia Molecular/ Molecular Biology/ Biología Molecular/
- Bioinformática/ Bioinformatics/ Bioinformática/
- Análise Genética/ Genetic Analysis/ Análisis Genético/
- Dados Biológicos/ Biological Data/ Datos biológicos/

XI. Coleta dos dados

A coleta de dados ocorrerá através do acesso nas bases de dados de propriedade intelectual do Brasil (INPI) e da Europa (EPO), e sistemas web.

A coleta nas bases de dados será realizada no mês de _____ de _____.

Após coleta dos sistemas, estes serão listados com as características colocadas pelo proprietário na loja virtual, sendo elas: nome; categoria; características; tipo de sistema; requisitos utilizados. Após a finalização da pesquisa os resultados serão organizados em forma de quadros e tabelas, para maior entendimento do processo.

XII. Avaliação crítica dos estudos

Para análise dos resultados, será utilizado a análise qualitativa comparativa, considerando nos sistemas, potencial para armazenamento e processamento de dados biológicos.

A avaliação crítica dos sistemas será baseada em outros estudos primários e da literatura disponível, a partir da seleção das informações relevantes ao tema em seu contexto no estudo.

APÊNDICE B – PROTOCOLO DE REVISÃO INTEGRATIVA

INTEGRATIVE LITERATURE REVIEW PROTOCOL

Student: Caio Tourinho Pereira Advisor in Brasil: Dra. Andrea Rita Marrero – orientadora													
Research question or problem: What are the main characteristics of a bioinformatics system necessary to build a database to store and process genetic data? S: sample - Genetic data interpretation PI: Phenomenon of interest - data analysis D: Design - case studies, algorithms, computational tools E: Evaluation - biological data, genetic variation R: Research type - quantitative research, technological study													
Research objective: 1- Highlight and discuss the main characteristics of data systems in bioinformatics system necessary to build a database to store and process genetic data in Brazil and other countries.													
Search strategies and keys: Search terms for the SPIDER search:													
<table border="1"> <thead> <tr> <th>SPIDER Tool</th> <th>Search terms</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>S</td> <td>"Genetic data interpretation" OR "bioinformatics systems"</td> </tr> <tr> <td>PI</td> <td>"data analysis" OR "genomics"</td> </tr> <tr> <td>D</td> <td>"case studies" OR "algorithms" OR "computational tools"</td> </tr> <tr> <td>E</td> <td>"biological data" OR "genetic variation"</td> </tr> <tr> <td>R</td> <td>"quantitative research" OR "technological study"</td> </tr> </tbody> </table>	SPIDER Tool	Search terms	S	"Genetic data interpretation" OR "bioinformatics systems"	PI	"data analysis" OR "genomics"	D	"case studies" OR "algorithms" OR "computational tools"	E	"biological data" OR "genetic variation"	R	"quantitative research" OR "technological study"	
SPIDER Tool	Search terms												
S	"Genetic data interpretation" OR "bioinformatics systems"												
PI	"data analysis" OR "genomics"												
D	"case studies" OR "algorithms" OR "computational tools"												
E	"biological data" OR "genetic variation"												
R	"quantitative research" OR "technological study"												
[S AND P of I] AND [(D OR E) OR/AND R] [Genetic data interpretation OR bioinformatics systems AND data analysis													

OR genomics] AND [(case studies OR algorithms OR computational tools OR biological data OR genetic variation) OR/AND quantitative research OR technological study]
Inclusion: Original articles in Portuguese, English or Spanish, with full text available and that dealt with topics related to bioinformatics applied to genetics. Exclusion: Articles published in other languages, literature reviews, dissertations, theses, books, book chapters and articles that did not correspond to the central theme of the review.
Data base: PUBMED, <i>Web of Science</i>, Google Scholar
Evaluation of results: Thematic content analysis, divided into the stages of pre-analysis, material exploration and treatment of results.
Results presentation: The study will be presented in the form of a chapter in the dissertation.

APÊNDICE C – INTERFACE DE SGBD DO *MYSQL WORKBENCH*

