

INTEGRAÇÃO DE FERRAMENTA DE ALINHAMENTO DE BIOSSEQUÊNCIAS COM INTERFACE GRÁFICA E VALIDAÇÃO DE USABILIDADE (APOIO UNIP)

Aluno: Kelvyn Batista Morales

Orientador: Prof. Dr. Geraldo Francisco Donegá Zafalon

Curso: Ciência da Computação

Campus: São José do Rio Preto

Dado o avanço da biologia molecular, advindo dos sequenciadores automáticos e sequenciadores da nova geração que acarretaram imenso volume de dados, surgiu a necessidade de ferramentas computacionais que oferecessem auxílio na análise dos biólogos e procura por formas efetivas de realizar a construção dessas ferramentas. A partir disso, foi construída a ferramenta de alinhamento de biossequências, que ajuda severamente a fazer a comparação de sequências, a qual anteriormente era inviável ser feita, dada a imensa quantidade de dados para comparação. Entretanto, o manuseio de algoritmos muitas vezes não é fácil de realizar por pessoas que não são da respectiva área, logo, fez-se necessária a integração de uma interface gráfica para facilitar o uso da ferramenta que fornece uma maneira mais intuitiva de lidar com tal. Além disso, foi feito um levantamento das formas mais eficientes de construir uma interface com C++, que atingiu um resultado que proporcionou a construção e integração da ferramenta à interface de maneira simples. Portanto, este projeto teve como objetivo integrar a ferramenta de alinhamento de biossequências com a interface gráfica, encontrar a melhor maneira de executar esse processo e validar sua usabilidade. Felizmente, isso foi feito com êxito e agora há uma maneira mais simples de usar a ferramenta de alinhamento, extremamente necessária para os biólogos, dado o atual imenso volume de dados.