

Caros alunos,

Paz a todos! Tudo bem?

O semestre terminou, e quem levou a disciplina até o fim não se arrependeu. Se nas duas primeiras etapas, descritas nos arquivos `ComparandoCoronaVirus.txt` e `ArvoreFilogenetica.txt`, cuidamos mais de elaborar e implementar algoritmos para a produção de alinhamentos e de filogenias para o conjunto de sequências completas e não ambíguas do coronavírus SARS-Cov-2 publicadas no Genbank até 27 de março, também lhes foi pedida uma análise final que partisse da filogenia obtida na segunda etapa do trabalho. Tal como vimos, as características obtidas não são todas compatíveis entre si, de modo que foi introduzido um critério de descarte a fim de primeiro gerar um bom subconjunto maximal de características duas a duas compatíveis entre si e depois uma filogenia perfeita para este conjunto de características binárias. Para nossa felicidade, apenas seis características tiveram que ser descartadas, duas das quais sendo formadas apenas por posições não codificantes. Se por um lado é bastante satisfatório observar a uniformidade das mutações que ocorrem na mesma posição em diversas sequências, por outro lado não é possível aceitar como perfeita uma filogenia perfeita obtida a partir de um conjunto expurgado de características. Não pode ser aceita como real uma filogenia que descarta os fatores da realidade que contradizem os pressupostos de uma modelagem imperfeita. Pelo contrário, a ciência da realidade impõe que sujeitemos nosso intelecto às observações seguras que dela fazemos. Assim, faz-se necessário que se tente reincluir as características descartadas durante a segunda fase. Ademais, para nossa surpresa, das quatro características descartadas com posições em regiões codificantes, duas delas fazem parte da identidade da variante brasileira. As quatro primeiras perguntas visam ampliar a análise da filogenia gerada na segunda fase do trabalho, focando-se particularmente em conhecer melhor a variante tupiniquim do vírus causador da desta pandemia mundial. Destacam-se entre as mutações incompatíveis do vírus brasileiro aquela da posição 11803, que refletida nos aminoácidos codificados, provoca a substituição de uma leucina por um aminoácido aromático, a fenilalanina, uma substituição incomum pontuada com o valor -3 na tabela PAM30. Nasceu assim o desejo de saber quão discrepante do que se esperaria da Natureza é esta substituição que se repete na substituição uniforme de aminoácidos produzido pela característica descartada mais abundante em nossos dados. De fato, a quinta pergunta foi um meio termo do que quase se tornou a proposta de uma nova fase para o trabalho: usar os dados das sequências disponíveis a fim de refazer os cálculos que levaram às matrizes PAM. Uma das razões pelas quais decidimos abortar esta proposta foi o conjunto das discrepâncias observadas entre a modelagem presente nas matrizes PAM e aquela observada nos dados. A quinta pergunta vai na direção de se conhecer e realçar estas discrepâncias, e o programa `MutacoesDeAminoacidos.py` visou justamente favorecer uma tal investigação.

Na página da disciplina deixamos o arquivo `AnaliseFinal.pdf`, com uma espécie de gabarito estendido, dotado também de uma análise mais aprofundada. Ele também inclui comentários sobre `MutacoesDeAminoacidos.py`. Ao final deste gabarito estendido, voltamos nossa análise às origens da sequência brasileira no norte italiano e à questão de uma eventual manipulação humana da genética deste vírus e sua difusão. Se as 108 sequências não permitem detectar se o vírus SARS-CoV-2 que produz a covid 19 é fruto de engenharia genética, elas permitem investigar se as variantes difundidas sofreram. Se tantos naturalistas acreditam que a evolução das espécies deve-se unicamente à lei da seleção natural e à própria Natureza, tantos outros creem na intervenção do Criador. Também diante das contradições observadas entre a realidade apresentada pelos dados e aquilo que a teoria permite prever há diferentes conclusões. Será que as evidências oferecidas pelas discrepâncias observadas permitem concluir que a evolução das diferentes cepas deste vírus sofreu alguma forma de design inteligente? Que finalidade poderia nortear esta ação? Mais que oferecer uma conclusão a esta análise final, nossa intenção principal foi a de oferecer elementos novos que lhes permitam estar melhor preparados para bem alcançar o próprio juízo final.

Esperando que tenham podido aprender coisas importantes na disciplina, meu abraço a todos.

São Paulo, 10 de agosto de 2020,

Alair.