

# Avaliação do uso de smartphones para o processamento de tarefas computacionais: “Um estudo de caso para a anotação de genomas procarióticos”

Jamir Nascimento Cardoso Junior<sup>1</sup>, Adonney Allan de Oliveira Veras<sup>1</sup>

Sistemas de informação - FACOMP - Universidade Federal do Pará (UFPA)

Castanhal - Pará - Brasil

jamirnasci@gmail.com, allanveras@ufpa.br

**Resumo.** Atualmente, há uma crescente dependência de smartphones na vida cotidiana de milhares de pessoas, destacando que o número de usuários continua a aumentar, superando o número de computadores em uso globalmente. Além disso, o desempenho do hardware de smartphones se tornou um fator essencial na escolha desses dispositivos, juntamente com preço, marca e sistema operacional. As inovações constantes nos smartphones têm tornado esses dispositivos cada vez mais poderosos, chegando a rivalizar com o desempenho de muitos computadores. O exemplo do Samsung S23 5G, que possui características comparáveis a um notebook de baixo desempenho, ilustra o avanço do hardware desses dispositivos. Apesar da demanda crescente por hardware avançado em smartphones, muitos usuários podem não compreender completamente as especificações técnicas dos processadores. O artigo propõe uma avaliação do uso desse hardware na execução de tarefas específicas, com foco na anotação de genomas procarióticos. A metodologia do estudo envolveu a seleção de smartphones populares da Samsung e Motorola, a escolha do sistema operacional Android devido à sua eficiência no gerenciamento de recursos, o uso da ferramenta Prokka para anotação genômica devido aos seus requisitos mínimos de recursos e a utilização do Termux, um emulador de terminal que permite aos usuários executar uma distribuição Linux completa em dispositivos Android. Para avaliar o desempenho, o artigo utiliza o comando 'time' do Linux para medir o tempo de execução, o consumo de memória, a utilização de CPU e outras métricas relevantes.

**Palavras-chave:** Anotação de genomas, software, android, smartphone.

**Abstract.** Currently, there is a growing dependence on smartphones in the daily lives of thousands of people, noting that the number of users continues to rise, surpassing the number of computers in use globally. In addition, the

*performance of smartphone hardware has become an essential factor when choosing these devices, along with price, brand and operating system. Constant innovations in smartphones have made these devices increasingly powerful, even rivaling the performance of many computers. The example of the Samsung S23 5G, which has features comparable to a low-performance notebook, illustrates the advancement of the hardware in these devices. Despite the growing demand for advanced hardware in smartphones, many users may not fully understand the technical specifications of the processors. The article proposes an evaluation of the use of this hardware in the execution of specific tasks, with a focus on the annotation of prokaryotic genomes. The methodology of the study involved selecting popular smartphones from Samsung and Motorola, choosing the Android operating system due to its efficiency in resource management, using the Prokka tool for genomic annotation due to its minimal resource requirements and using Termux, a terminal emulator that allows users to run a full Linux distribution on Android devices. To evaluate performance, the article uses the Linux 'time' command to measure execution time, memory consumption, CPU utilization and other relevant metrics.*

**Keywords:** *Genomic annotation, software, android, smartphone.*

## **1. Introdução**

Hoje, milhares de pessoas incorporaram smartphones em suas atividades diárias, e esse número de usuários continua a crescer a cada ano. Segundo pesquisas, o número de smartphones em operação no mundo já ultrapassou o número de computadores, e 60% das buscas no Google são realizadas por dispositivos móveis. De acordo com dados do IBGE, o Brasil possui 242 milhões de smartphones em uso, ultrapassando ligeiramente a marca de 214 milhões de habitantes (EXAME, 2013; IBGE, 2022).

Com o aumento do número de usuários, as expectativas em relação ao desempenho dos smartphones também estão crescendo, e o hardware se tornou um dos principais fatores considerados na hora da compra. Além disso, o preço, marca, sistema operacional, velocidade de processamento da CPU e o tipo de processador, são critérios importantes para a tomada de decisão (TANENBAUM, 2016).

As constantes inovações nos smartphones disponíveis no mercado estão elevando a inteligência desses dispositivos a níveis que, em alguns casos, superam as capacidades de processamento de muitos computadores. O hardware desses dispositivos tem experimentado avanços significativos, como evidenciado pelo Samsung S23 5G. Este dispositivo possui recursos

semelhantes aos de um notebook de gama média, com 8 GB de RAM, capacidade de armazenamento de até 128 GB e opção de expansão via cartão adicional. Equipado com um processador Octa Core operando a 13,36 GHz, 2,8 GHz e 2 GHz, ele fornece desempenho de processamento comparável a muitos processadores de PCs móveis (SAMSUNG, 2023).

Atualmente, muitos profissionais estão aproveitando seus smartphones para realizar tarefas que antes exigiam dispositivos específicos. Um exemplo disso são os profissionais de e-commerce, que usam seus dispositivos móveis para fotografar produtos e até editar as imagens diretamente em seus celulares. Além disso, o uso de smartphones para assistir a filmes em alta qualidade, incluindo em qualidade HD (High-Definition), e para outras atividades, como assistir a videoaulas durante os estudos, que antes eram feitas exclusivamente em computadores, tornou-se cada vez mais comum em dispositivos móveis (FORESTI, 2016).

Do ponto de vista da computação, ao avaliar a velocidade do processador, diversos fatores são levados em consideração. Entre eles, a capacidade de executar aplicativos de forma eficiente, a capacidade de lidar com a execução simultânea de múltiplos aplicativos em segundo plano. No contexto de dispositivos móveis, o desempenho da conexão de dados (3G, 4G, 5G ou Wi-Fi) também é analisado, assim como o consumo de energia do processador e outros recursos durante a execução (STALLMAN, 2013).

Embora a demanda por hardware mais avançado em smartphones esteja crescendo, muitos usuários carecem do conhecimento necessário para identificar as características de um processador de alto desempenho e como avaliá-lo de forma eficaz. Muitos simplesmente desejam um processador eficiente em seus dispositivos, sem um entendimento profundo das especificações técnicas envolvidas. Isso abre espaço para uma avaliação do desempenho desse hardware ao processar tarefas específicas.

O principal objetivo deste estudo é realizar uma análise centrada na anotação de genomas procarióticos, utilizando dispositivos móveis como ferramenta científica. A anotação de genomas é o processo de inferir informações biológicas a partir de sequências de DNA, uma tarefa essencial e frequente para pesquisadores da área de genética, pois revela o conteúdo genético de um organismo alvo (MOIA, 2022).

## **2. Metodologia**

A metodologia utilizada para processar e analisar os conjuntos de dados neste estudo é brevemente descrita na Figura 1. O sistema operacional base utilizado foi o Android versão 11. Para emular o terminal Linux, usamos o Termux,

realizando ajustes de permissões para acesso ao armazenamento do dispositivo. A instalação na distribuição Alpine Linux exigiu configuração prévia do ambiente de virtualização QEMU. Finalmente, implementamos o ambiente Docker e, em seguida, o contêiner Prokka para realizar a anotação nos conjuntos de dados selecionados para esta pesquisa.

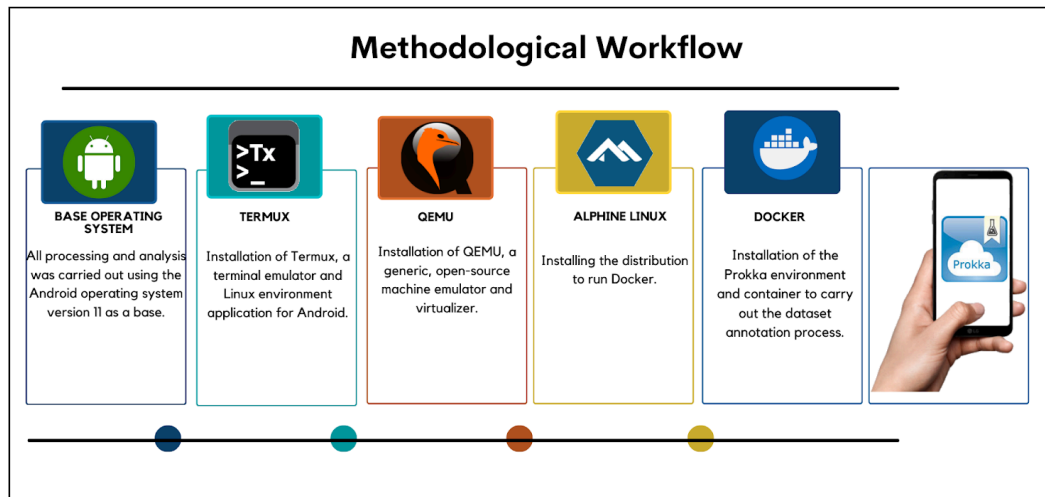


Figura 1. Descrição do processo usado para o estudo de caso.

## 2.1 Hardware

Os dispositivos de hardware selecionados para este estudo foram smartphones fabricados pela Samsung e Motorola, escolhidos devido à sua ampla popularidade e ao fato de executarem nativamente o sistema operacional Android. Os testes iniciais foram realizados em um modelo específico, o Moto e7, que possui um processador AArch64 Processor rev 4 (aarch64) de 64 bits, com frequência de 4 x 400MHz a 1500MHz e 4 x 900MHz a 2001MHz, operando sob o sistema Android 10, equipado com 4GB de memória RAM e 64GB de armazenamento. Além do mencionado, foi utilizado o modelo Samsung Galaxy A03s, com processador AArch64 Cortex-A53 4x 2.3GHz + 4x 1.8 GHz Cortex-A53, sistema operacional Android 11 Samsung One UI 3.0, memória RAM com capacidade de 4GB e 64GB de armazenamento.

## 2.2 Android

A escolha do sistema Android não se baseia apenas em sua popularidade, mas sim na presença de um sistema central de gerenciamento de processos, memória, protocolos de rede e drivers de dispositivos e periféricos que são executados por meio do kernel do Linux. O Android é responsável pelo controle desses dispositivos e, portanto, gerencia a energia em um nível mais fundamental, determinando a frequência de operação da CPU de forma a otimizar o desempenho da bateria em smartphones (PEREIRA; SILVA, 2009; ANDROID, 2012).

## 2.3 Software de Anotação

O Prokka é uma ferramenta computacional desenvolvida com o propósito de automatizar a anotação genômica de bactérias e arqueias. A escolha desta ferramenta para este estudo se justifica pelo fato de que seu processo de anotação requer recursos computacionais mínimos, como memória e capacidade de processamento, e pode ser executado em um computador de mesa convencional. O único requisito do usuário é fornecer o arquivo de sequência genômica no formato FASTA (SEEMANN, 2014).

### 2.3.1 Processo de anotação

O pipeline do Prokka utiliza sequências com contigs no formato FASTA, que posteriormente serão processados em paralelo por ferramentas como Aragorn e RNAmmer para identificar tRNA (RNA transportador) e rRNA (RNA ribossomal), Infernal com Rfam para ncRNA (RNA não codificante), e Prodigal para prever CDS (Sequência de DNA Codificadora).

A anotação de proteínas é realizada comparando as sequências preditas com bancos de dados como User (Banco de dados montado pelo usuário), BLAST+ e Swiss-Prot, enquanto domínios proteicos são identificados usando Pfam, HMMER3 e TIGR, resultando em arquivos de resultado em diversos formatos.

A Tabela 1 apresenta os formatos de arquivo resultantes do pipeline e seus respectivos conteúdos.

Sufixo	Descrição do conteúdo
.fna	Arquivo FASTA com contigs de entrada originais (nucleotídeo)
.faa	Arquivo FASTA de genes codificadores traduzidos (proteína)
.ffn	Arquivo FASTA de todas as características genômicas (nucleotídeo)
.fsa	Sequências com contigs para submissão (nucleotídeo)
.tbl	Tabela de características para submissão
.sqn	Arquivo editável do Sequin para submissão
.gbk	Arquivo Genbank contendo sequências e anotações
.gff	<u>GFFv3</u> contendo sequências e anotações
.log	Log da saída de processamento do Prokka
.txt	Estatísticas resumidas da anotação

**Tabela 1. Arquivos de resultado do pipeline.**

Posteriormente, a Figura 2 apresenta um diagrama simplificado do pipeline do Prokka, uma ferramenta para anotação rápida de genomas bacterianos, arqueanos e virais.

## Prokka pipeline (simplified)

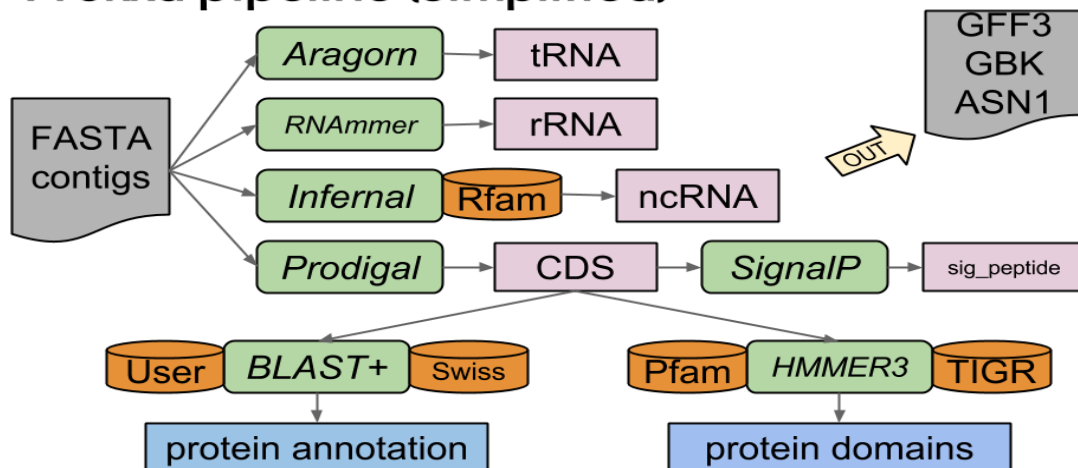


Figura 2. Descrição do processo de anotação utilizando o Prokka.

### 2.4 Termux

O Termux se destaca como uma solução eficiente para usuários Android que desejam integrar funcionalidades Linux em seus dispositivos móveis. Com ele, é possível operar uma distribuição Linux completa, expandindo as capacidades de smartphones e tablets para além de suas funções convencionais. Por meio de sua interface de linha de comando (CLI), os usuários têm acesso a um vasto conjunto de comandos Linux, otimizando o potencial de seus dispositivos (OKAH, 2023).

Além disso, o sistema de gerenciamento de pacotes do Termux oferece uma gama diversificada de aplicativos e ferramentas, incluindo linguagens de programação renomadas como Python, Node.js e Git, promovendo um ambiente propício à experimentação em plataformas móveis.

### 2.5 Docker

O Docker é uma inovadora plataforma de virtualização por contêineres que transformou o panorama do desenvolvimento, distribuição e execução de aplicações. Centralizado nos contêineres virtualizados e no encapsulamento de aplicações e suas respectivas dependências em imagens completas, oferece uma camada de abstração para a instalação de aplicações em ambientes Linux. Estas imagens, que contém tanto a aplicação quanto seu ambiente de execução, são armazenadas no Registro do Docker, facilitando a integração e personalização contínua de softwares (DOCKER, 2017).

Além de sua versatilidade, os contêineres do Docker se destacam pela leveza e eficiência, operando de maneira independente do sistema operacional. Isso

garante uma performance consistente, seja no ambiente local de um desenvolvedor ou em grandes servidores de produção. Adicionalmente, o Docker simplifica o processo de implantação, gerenciando todas as dependências necessárias para o correto funcionamento da aplicação.

## **2.6 Alpine Linux**

O Alpine Linux destaca-se como uma opção interessante para utilização de containers no ambiente Android devido ao seu notável baixo consumo de recursos. Com uma abordagem minimalista e um design voltado para a simplicidade, o Alpine Linux apresenta-se como uma alternativa robusta aos sistemas operacionais Android tradicionais. Sua estrutura leve não só otimiza a utilização de recursos do dispositivo, mas também eleva o desempenho, proporcionando uma experiência fluida mesmo em dispositivos mais antigos ou com configurações mais básicas. Este sistema operacional, é reconhecido por sua eficiência, além disso, um contêiner consome menos de 8 MB, enquanto uma instalação básica requer aproximadamente 130 MB de armazenamento. Assim, além de oferecer um ambiente Linux completo, o Alpine disponibiliza uma vasta gama de pacotes através de seu repositório (ALPINE LINUX DEVELOPMENT TEAM, 2023).

## **2.7 QEMU**

QEMU é uma ferramenta de virtualização que possibilita a criação de ambientes de máquina virtual, permitindo a execução de ferramentas com arquiteturas diferentes do Android. Ele também atua como um hipervisor que utiliza tradução dinâmica para emular instruções de CPU em uma arquitetura estrangeira. Sua utilidade abrange uma variedade de atividades, incluindo testes, desenvolvimento, computação em nuvem e administração de sistemas. Quando usado em conjunto com outras tecnologias de virtualização, como KVM ou Xen, o QEMU permite a execução direta do sistema convidado na CPU do host, proporcionando uma velocidade próxima à nativa (GALGANI, 2023).

## **2.8 Benchmark**

Para obter as estatísticas necessárias no processo de avaliação, empregou-se o comando 'time' do Linux (<http://man7.org/linux/man-pages/man1/time.1.html>). Essas estatísticas abrangem o tempo de execução do programa no modo de usuário, o tempo de execução no modo kernel e o consumo médio de memória pelo programa e uso de CPU. Além disso, compõem as estatísticas desta avaliação, o tamanho do arquivo utilizado como entrada, a quantidade de

contigs (sequências genômicas) e os possíveis erros ocorridos durante o processamento.

### 3. Origem dos dados

Para a obtenção dos dados necessários ao processo de anotação de genomas, o primeiro passo é a extração do material genético. Após essa etapa inicial, na preparação da biblioteca, o material genético extraído passa por um processo de fragmentação, no qual é dividido em pedaços menores. Em seguida, adaptadores de DNA são ligados às extremidades desses fragmentos, preparando-os para a próxima fase do procedimento.

Na etapa de sequenciamento, um sequenciador é utilizado para ler a sequência de nucleotídeos de cada fragmento, resultando na geração de um grande número de reads. Após a conclusão desse processo de leitura, os fragmentos do material genético são disponibilizados no formato FASTQ. Para convertê-los em um arquivo no formato FASTA, é necessário utilizar uma ferramenta de montagem, que organiza os fragmentos e entrega como resultado arquivos nesse formato.

A Figura 3 ilustra o processo de obtenção das sequências desde o organismo até o arquivo para anotação no formato fasta.

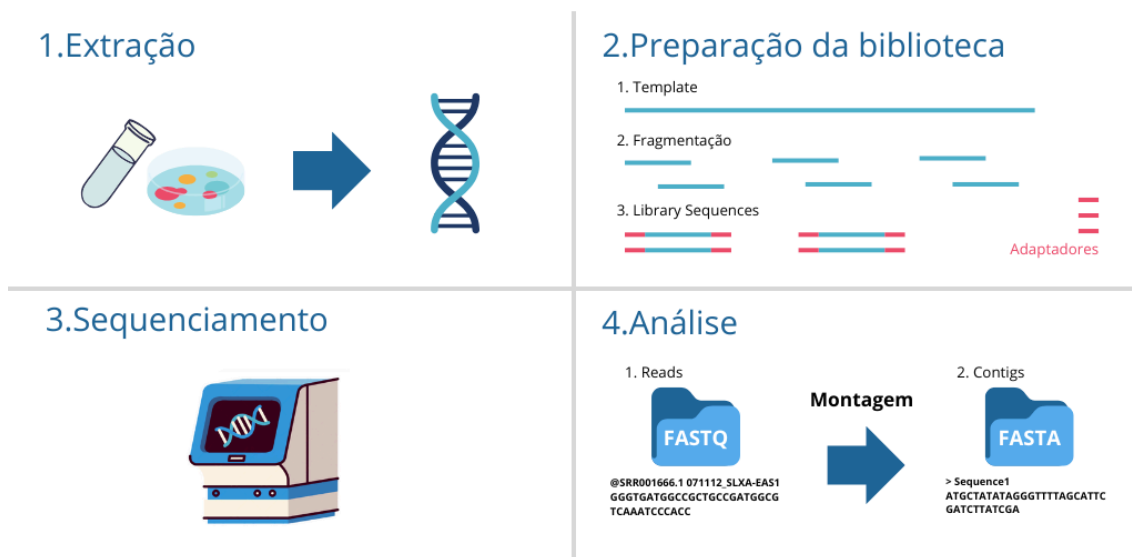


Figura 3. Descrição do processo obtenção do genoma no formato de anotação

Na realização deste estudo, foram selecionados trinta organismos obtidos da base de dados do National Center for Biotechnology Information (NCBI), disponível em <https://www.ncbi.nlm.nih.gov>, dentre os datasets selecionados para esta análise tem-se: genomas rascunhos (incompletos), genomas completos e dados de metagenômica, visando diversificar ao máximo a análise

em questão. A Tabela 2 apresenta os nomes de todos os organismos analisados.

Nome do Organismo	Tamanho (KBytes)	Contigs	GenBank
Sulfolobus sp. SCGC	880	86	GCA_003086375.1
MAG: Aquificaceae bacterium isolate SKW97	1072	67	JAOAIS000000000.1
MAG: Chlorobiota bacterium isolate Skiv_18-Q3-R9-52_MAXAC.	3114	2	JADKIV000000000.1
Fusobacteriaceae bacterium genome ERS537392_50	1360	30	GCA_900757965.1
Nostoc sp. HK-01 DNA	6280	1	AP018318.1
Aquificaceae bacterium CF Pisc bin19	1512	48	GCA_026627465.1
Fusobacteriaceae bacterium HGM14322	1876	41	GCA_900758045.1
MAG: Chlorobiota bacterium isolate CHB3	2304	19	RHKQ00000000.1
Aquificaceae bacterium isolate SKYB2	1233	66	JANXBA000000000.1
MAG: Nostocales cyanobacterium LE14-WE12	4360	226	JASJEY000000000.1
Sulfolobus sp. E5-1-F chromosome	2519	1	CP045687.1
MAG: Dolichospermum sp. UKL201 chromosome	5120	1	CP050891.1
Microcystis aeruginosa FD4 chromosome	5273	1	CP046973.1
Planktothrix agardhii NIES 204 DNA	4622	1	AP017991.1
Anabaena catenula FACHB-362	6021	109	GCA_014698735.1
Cyanobacterium sp. HL-69 chromosome	3052	1	CP024912.1
aff. Roholtiella sp. LEGE 12411 genome assembly ASM1520699v1	6531	338	GCA_015206995.1
Scytonema sp. RU44	1260	77	JAAUSC000000000.
MAG TPA_asm: Richelia sp. isolate UBA11571	2230	463	DLZW00000000.1
MAG: Rivularia sp. ALOHA_DT_140	5952	2574	JALJPP000000000.1
MAG: Rivularia sp. T60_A2020_040	5958	139	JACYMD000000000.
Nostoc Azollae 0708	5425	3	CP002059.1
MAG: Nostocales cyanobacterium isolate PH2015_08D_37_15	3977	603	RDYK00000000.1
MAG: Nostocales cyanobacterium	5120	198	JAPLHY000000000.1
MAG: Nostocales cyanobacterium isolate PH2015_08D_39_10	4155	271	RDYJ00000000.1
Anabaena sp. CCAP 1446/1C	6532	254	JAAMUX000000000.
Sulfolobus sp. E11-6 chromosome	2473	1	CP045706.1
Sulfolobus sp. A20	2600	1	CP017006.1
Sphaerospermopsis aphanizomenoides LEGE 00250	5400	399	GCA_015207835.1
MAG: Scytonema sp. CRU_2_7	4260	628	JAAUOR000000000.

**Tabela 2. Lista com todos os organismos utilizados no estudo.**

#### 4. Resultado e discussão

Para introduzir os resultados, é crucial analisar a quantidade de contigs (fragmentos de DNA resultantes do processo de montagem genômica) presentes em cada arquivo utilizado para o processamento. Nesse contexto, a Figura 4 ilustra essa informação de forma clara.

A Figura 4 foi projetada para fornecer uma representação visual clara desta informação. Ela mostra a distribuição de contigs nos diferentes conjuntos de dados analisados.

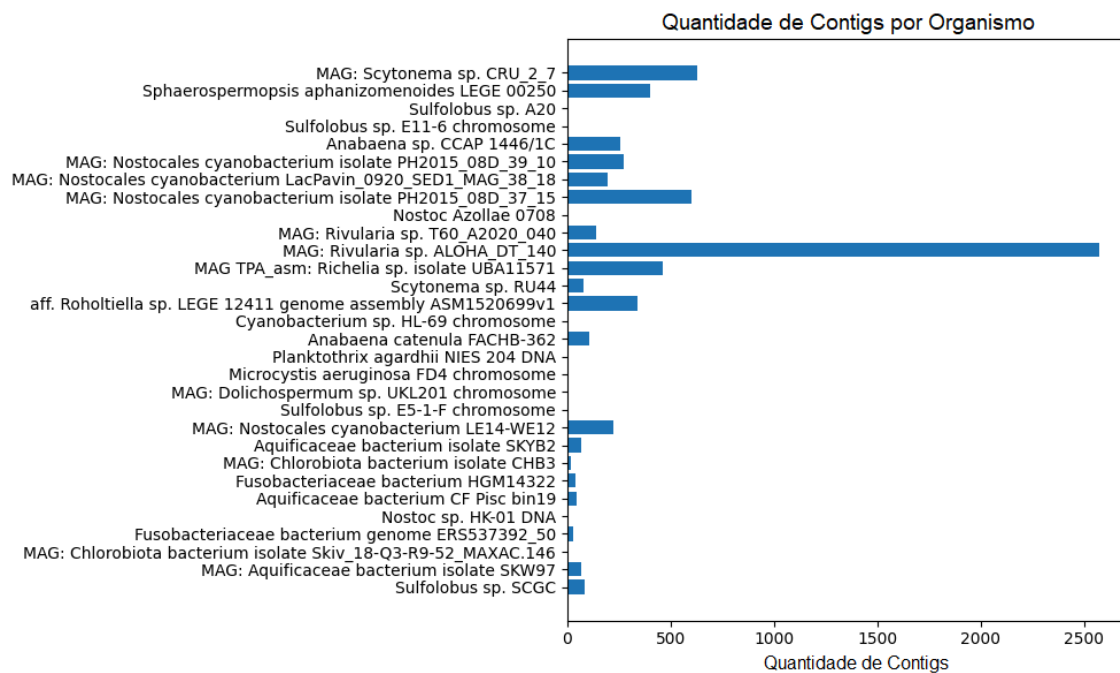


Figura 4. Quantidade total de contigs por arquivo.

É fundamental destacar que alguns desses arquivos contêm sequências genômicas completas, indicando que o arquivo engloba uma única sequência que representa o genoma integral do organismo em questão. No entanto, para refletir os cenários mais próximos possível à realidade enfrentada pelos pesquisadores, optou-se por utilizar diversos organismos com múltiplos contigs, resultantes de montagens denominadas de rascunho, neste estudo.

Posteriormente, a Figura 5 apresenta uma análise do tempo total de processamento necessário para a anotação de cada organismo.

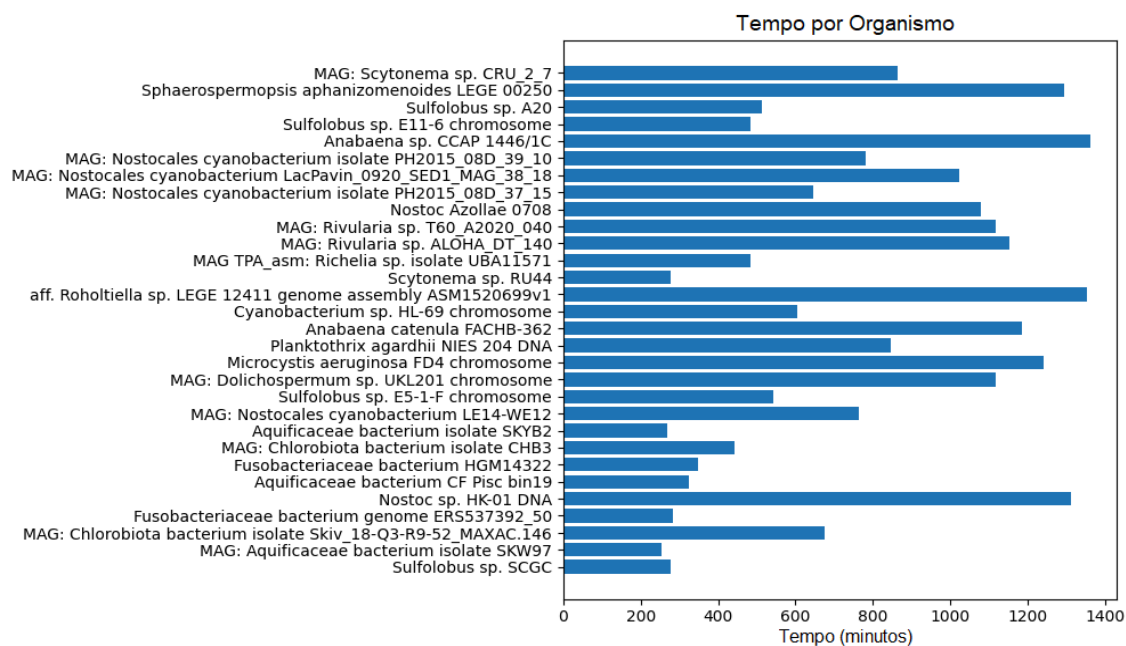


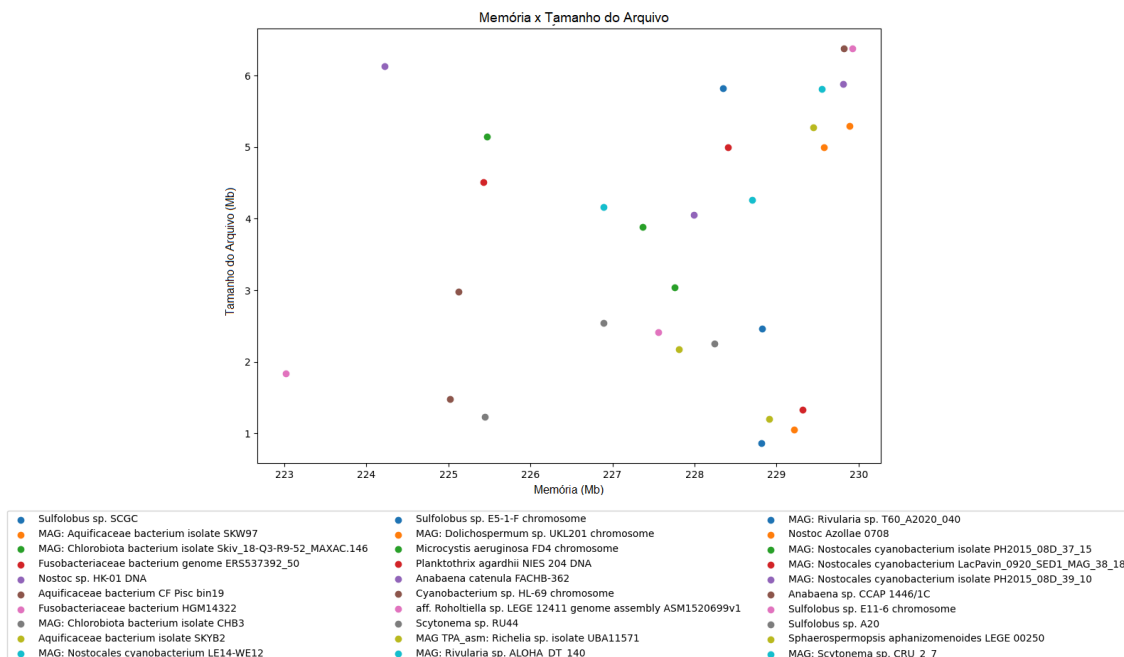
Figura 5. Tempo total de processamento por organismo.

Pode-se inferir que, o número total de contigs no arquivo de entrada não se correlaciona diretamente com o tempo total de processamento necessário para sua anotação. Um exemplo ilustrativo é o organismo MAG: Rivularia sp. ALOHA\_DT\_140, que, apesar de ter um alto número de contigs conforme a Figura 2, apresenta um tempo médio de processamento semelhante aos outros conjuntos de dados.

Com base na análise mostrada na Figura 6, pode-se observar que o tamanho do arquivo nem sempre está diretamente relacionado com a quantidade de memória necessária para realizar a tarefa. Em detalhe, sete conjuntos de dados tinham tamanhos próximos a dois megabytes, dos quais quatro exigiram significativamente mais memória para concluir sua análise.

Analisando a memória necessária para diferentes organismos, destaca-se que "Anabaena catenula FACHB-362" e "aff. Roholtiella sp. LEGE 12411 genome assembly ASM1520699v1" têm uma memória próxima de 229,92 Mbytes, enquanto "Fusobacteriaceae bacterium HGM14322" tem uma memória menor, em torno de 223,02 Mbytes.

Essas observações destacam a complexidade da relação entre o tamanho do arquivo e a quantidade de memória necessária para o processamento. Elas indicam que fatores além do tamanho do arquivo influenciam os requisitos de memória, sugerindo a importância de considerar características específicas dos conjuntos de dados ao alocar recursos computacionais.

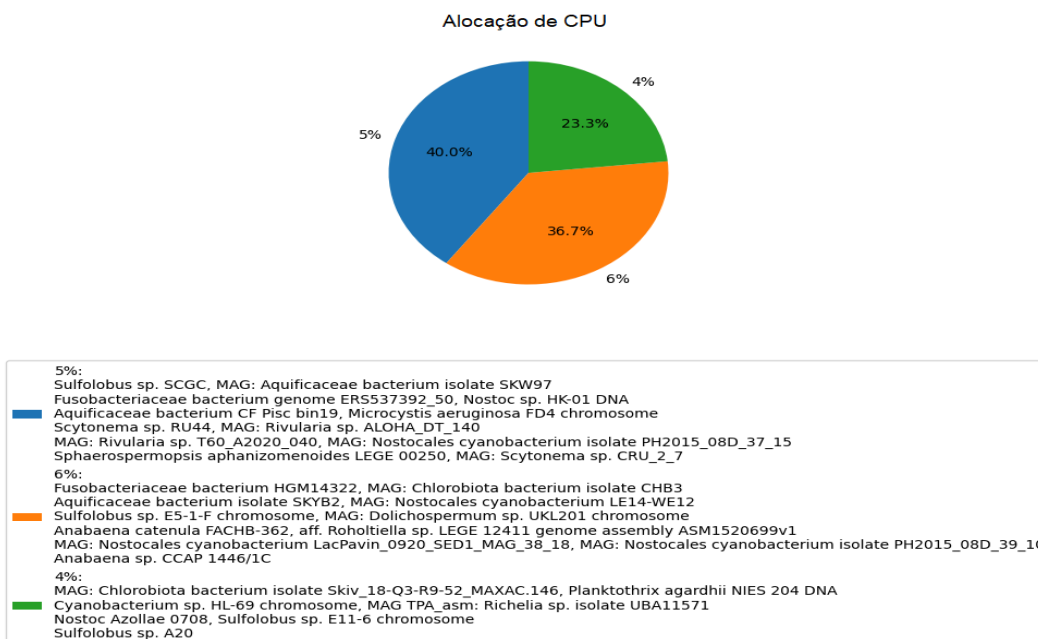


**Figura 6. Distribuição do tamanho do dataset em relação a quantidade de memória necessária para o processamento do mesmo.**

A Figura 7 mostra a distribuição da alocação total de CPU necessária para processar todos os conjuntos de dados utilizados neste estudo. Notavelmente, pode-se observar que 40% dos conjuntos de dados processados receberam uma alocação de 5%, enquanto 36,7% receberam 6% da capacidade total de processamento dedicada a eles.

Além disso, ao analisar a alocação de CPU para diferentes organismos, pode-se observar que a maioria (65%) está entre 5% e 6%, sugerindo uma distribuição relativamente uniforme de recursos de processamento entre os conjuntos de dados investigados. Neste contexto, é interessante notar que alguns organismos, como "MAG: Chlorobiota bacterium isolate", "Planktothrix agardhii NIES 204 DNA", "Cyanobacterium sp. HL-69 chromosome", "MAG TPA\_asm: Richelia sp. isolate UBA11571", "Nostoc Azollae 0708", "MAG: Nostocales cyanobacterium isolate PH2015\_08D\_37\_15", "MAG: Rivularia sp. T60\_A2020\_040", "Sulfolobus sp. A20", "Sphaerospermopsis aphanizomenoides LEGE 00250" e "Sulfolobus sp. E11-6 chromosome", mostram alocações de CPU de 4%, destacando-se como casos com uma demanda ligeiramente menor de recursos. Essas observações destacam não apenas a eficiência na distribuição da carga computacional, mas também a variação nos requisitos de CPU entre diferentes organismos.

Na Figura 7, é apresentada a distribuição da alocação total de CPU necessária para processar todo o dataset utilizados neste estudo. Nela, é possível observar como os recursos de processamento foram distribuídos, oferecendo estatísticas sobre o desempenho e a eficiência no uso da CPU durante o processamento de anotação.



**Figura 7. Alocação do CPU utilizada no processamento da anotação dos datasets**

É importante notar que toda a análise foi realizada exclusivamente no dispositivo SAMSUNG. Isso possibilita tirar conclusões sobre a capacidade mínima necessária para realizar esta tarefa, levando em consideração elementos cruciais como poder de processamento, capacidade de memória e espaço interno disponível no dispositivo.

Este resultado não apenas destaca a eficácia do dispositivo em questão, mas também fornece informações valiosas para determinar os requisitos essenciais para a execução bem-sucedida de tarefas semelhantes em outros ambientes de hardware.

## **5. Conclusão**

Neste artigo, compartilhamos a experiência de uso de smartphones com o sistema operacional Android, com foco, em particular, no processamento de tarefas voltadas para a anotação de genomas de procariotos. O ambiente emulado foi configurado para operar de maneira semelhante às ferramentas computacionais existentes para esse propósito, mas este trabalho destaca tanto as conquistas quanto as limitações superadas desse processo.

É importante mencionar que, para realizar esta análise, foi necessário superar uma variedade de desafios, desde a definição da estrutura de software necessária, dadas as limitações dos comandos Linux no sistema operacional Android. Embora o Termux emule uma distribuição Linux, ele não possui permissões de superusuário, o que impossibilita a instalação de várias dependências do software de anotação (Prokka). Além disso, o Termux apresentou obstáculos significativos ao tentar instalar o ambiente Docker.

Diante dessas limitações, foi essencial proceder com a instalação do Termux e, dentro dele, configurar o ambiente virtualizado usando o QEMU. Nesse ambiente, optou-se por instalar o Alpine Linux, onde todo o processamento do estudo em questão foi conduzido. Essa abordagem permitiu superar as dificuldades iniciais, garantindo que a análise pudesse ser realizada de forma eficaz no contexto das restrições impostas pelo sistema operacional Android e suas peculiaridades.

No total, foram processados trinta organismos, incluindo genomas completos, genomas em rascunho e dados resultantes de montagens metagenômicas, assegurando assim uma ampla diversidade de conjuntos de dados no escopo do estudo. Observou-se que o hardware do smartphone utilizado demonstrou ser eficiente no processamento das tarefas, sendo o principal obstáculo encontrado relacionado ao sistema operacional. Ambos os dispositivos móveis utilizados nesta análise tinham a arquitetura AArch64 em sua versão do Android, enquanto a maioria dos softwares é desenvolvida para a arquitetura x86\_64.

Superando as limitações do sistema operacional, ficou claro que o hardware é adequado para realizar tarefas computacionais. Com base neste estudo, é possível inferir que, caso uma futura versão do Android seja disponibilizada na arquitetura x86\_64, o processamento de diversas tarefas poderia ser realizado utilizando o hardware desses dispositivos.

Outro aspecto relevante do estudo é que a maioria dos organismos procariotos possui genomas cujo tamanho geralmente não excede alguns megabytes. Isso torna o processamento desses genomas viável em ambientes que são cada vez mais populares e acessíveis à população geral, como os smartphones. Nesta análise, utilizamos 8 GB do espaço em disco do smartphone, o que nos leva a inferir que é totalmente possível aproveitar esse hardware, especialmente em situações em que o estudante pode não ter um computador ou notebook, mas possui um smartphone.

Essa abordagem destaca a adaptabilidade do smartphone no processamento de genomas, oferecendo uma alternativa acessível para estudantes e pesquisadores. Além disso, ressalta a importância de explorar o potencial dos smartphones em atividades acadêmicas, promovendo o acesso a recursos computacionais mesmo em cenários onde equipamentos tradicionais podem não estar disponíveis.

### **Agradecimentos**

Agradeço ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e à Universidade Federal do Pará (UFPA), com o apoio da PROPESP/UFPA. Este trabalho faz parte de pesquisas desenvolvidas pelo grupo de pesquisa BIOD (Bioinformática, Ômicas e Desenvolvimento - [www.biod.ufpa.br](http://www.biod.ufpa.br)).

### **6. Referências**

EXAME. Venda de smartphones supera a de celulares pela primeira vez. 2013. Disponível em: <https://exame.com/tecnologia/venda-de-smartphones-supera-a-de-celulares-pela-primeira-vez>. Acesso em: 11 out. 2023.

IBGE – INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. Censo Brasileiro de 2022. 2022. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/estatisticas/sociais/trabalho/22827-censo-demografico-2022.html>. Acesso em 14 jan. 2024.

TANENBAUM, A.; BOS, H. Sistemas Operacionais Modernos. 4. ed. São Paulo: Pearson Education do Brasil, 2016.

SAMSUNG. Especificações do Samsung Galaxy. 2023. Disponível em: <https://www.samsung.com/br/smartphones/galaxy-s23/>. Acesso em: 11 out. 2023.

FORESTI, Fabricio. O uso de dispositivos móveis entre os estudantes de pós-graduação da Universidade Federal de Santa Catarina: os novos fluxos de informação. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Santa Catarina, SC, 2016.

STALLMAN, R. System, G. O. Linux and the GNU System. 2013. Disponível em: [www.gnu.org/gnu/linux-and-gnu.html](http://www.gnu.org/gnu/linux-and-gnu.html). Acesso em: 11 out. 2023.

DA SILVA MOIA, G., A. S. C. Gaia, M. S. de Oliveira, V. C. Dos Santos, J. T. C. Alves, P. H. C. G. De Sá and A. A. De Oliveira Veras, 2022. Renoteweb—web platform for the improvement of assembly result and annotation of prokaryotic genomes. *Gene*, 844: 146819.

PEREIRA, L. C. O. and M. L. Da Silva, 2009. *Android para desenvolvedores*. Brasport. Acesso em: 11 out. 2023.

SEEMANN, T., 2014. Prokka: Rapid prokaryotic genome annotation. *Bioinformatics*, 30(14): 2068-2069.

OKAH, Johnson. Getting Started with TERMUX. Dev Community, 20 de julho de 2023. Disponível em: <https://dev.to/jjokah/getting-started-with-termux-307f>. Acesso em: 03 out. 2023.

DOCKER, Inc. Docker. Linha. Junho de 2017. Disponível em: <https://www.docker.com/what-docker>. Acesso em: 11 out. 2023.

ALPINE LINUX DEVELOPMENT TEAM. About Alpine. Disponível em: <https://alpinelinux.org/about>. Acesso em: 11 out. 2023.

GALGANI, Francesco. How to use QEMU from the Linux command-line. *Baeldung Linux*, 4 de setembro de 2023. Disponível em: <https://www.baeldung.com/linux/qemu-from-terminal>. Acesso em: 11 out. 2023.