

4

O CÓDIGO COVID: A INVESTIGAÇÃO DA PANDEMIA DA COVID-19 ATRAVÉS DA BIOINFORMÁTICA

Autores 4.1

Aline de Paula Dias da Silva 

Revisão: Isaac Farias Cansanção , Tiago Cabral Borelli 

Cite este artigo 4.1

Silva, APD. **O Código COVID: A investigação da pandemia da COVID-19 através da bioinformática**. BIOINFO. ISSN: 2764-8273. Vol. 3. p.04 (2023). doi: 10.51780/bioinfo-03-04

Resumo 4.1

Opiniões & Perspectivas

No final do ano de 2019, um vírus desconhecido se espalhou repentinamente no mundo, causando uma síndrome respiratória aguda grave [1]. A severidade da doença e a forma rápida de transmissão do vírus ligou o alerta em todo o mundo como uma emergência de saúde pública, como resultado, milhões de pessoas estavam sendo acometidas rapidamente e milhares de mortes ocorrendo diariamente [2]. Dessa forma, as principais questões precisavam ser respondidas, como: o agente etiológico causador da doença, as formas de transmissão, características clínicas, os mecanismos de patogênese e principalmente, os métodos de tratamento e prevenção (Figura 4.1).

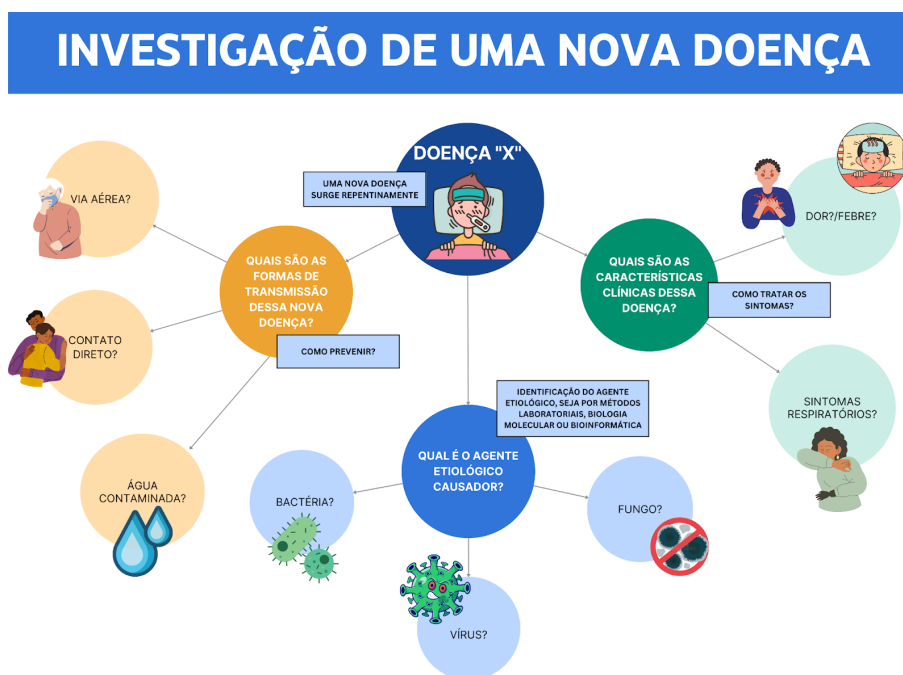


Figura 4.1: Representação das principais questões a serem respondidas com o surgimento de uma nova doença. Fonte: autoria própria.

A bioinformática, presente desde meados da década de 1970 e em grande evolução desde então, **se tornou uma das grandes ferramentas na investigação da pandemia de COVID-19**. Como um dos principais métodos empregados na

biologia molecular e na bioinformática, as técnicas de sequenciamento de nova geração (NGS) foram os protagonistas durante o período pandêmico. Através dessa metodologia, o sequenciamento desse vírus pôde ser executado de forma rápida e eficiente. Após a obtenção da sequência genômica do vírus e as análises de bioinformática serem realizadas, foi demonstrado que a doença era causada por um novo Coronavírus pertencente a linhagem dos betacoronavírus, possuindo um genoma de mais de 29 kB, permitindo o conhecimento do agente etiológico causador da doença [3]. Porém, algumas perguntas ainda precisavam ser respondidas, como: “Qual é a origem dessa doença em humanos?”. Para isto, através da análise dos resultados do sequenciamento, alinhamento de sequências e análises de filogenética por ferramentas de bioinformática, foi revelado que o novo betacoronavírus, agora denominado SARS-CoV-2, possuía uma grande similaridade com outros betacoronavírus originários de morcegos [4], que já haviam sido detectados muito anteriormente na China e uma similaridade alta com o MERS-CoV, um coronavírus causador da Síndrome Respiratória Médio Oriente (MERS) em 2012 [5].

O volume de dados gerados por bioinformática desde o início da pandemia é expressivo, atualmente ultrapassando mais de 15 milhões de genomas de SARS-CoV-2 sequenciados no mundo inteiro e hospedadas em um único banco de dados [6-7]. Isso tem aberto novas portas para o desenvolvimento e triagem de potenciais novos antivirais e o desenvolvimento de novas vacinas. Através desses dados, houve o surgimento de outros bancos de dados, desta vez de potenciais antivirais para SARS-CoV-2, auxiliando na previsão de proteínas-alvo do vírus e triagem de novos compostos contra alvos que podem ter efeitos inibitórios na polimerase viral do SARS-CoV-2 por meio de *docking* molecular [8-9].

Muitas perguntas foram respondidas neste período graças ao avanço da tecnologia e bioinformática, e ainda há muitas outras a serem resolvidas futuramente. Ainda teremos que lidar futuramente com surgimento de novos desafios, como novos agentes causadores de doenças, e para isto, novas técnicas, novos protocolos de biologia molecular e bioinformática deverão ser desenvolvidos. Como, por exemplo, o surgimento de novos modelos tecnológicos, como o desenvolvimento atual de modelos de inteligência artificial que vêm sendo

aplicados e estão avançando de forma tão abrupta quanto o espalhamento da COVID-19 no mundo. Dessa forma, é esperado que futuramente consigamos utilizar desta ferramenta também para responder novos desafios e epidemias.

Saiba mais 4.1

Este artigo está disponível em <https://bioinfo.com.br/o-codigo-covid-a-investigacao-da-pandemia-da-covid-19-atraves-da-bioinformatica/>

4.1 Referências

- [1] ZHU, N. et al. A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019. *N Engl J Med*, v. 382, n. 8, p. 727-733, 20 fev. 2020. DOI: 10.1056/NEJMoa2001017. PMID: 31978945; PMCID: PMC7092803
- [2] WU, J.T.; LEUNG, K.; LEUNG, G.M. Nowcasting and forecasting the potential domestic and international spread of the 2019-nCoV outbreak originating in Wuhan, China: a modelling study. *Lancet*, [S.l.], v. 395, n. 10225, p. 689-697, fev. 2020. DOI: 10.1016/S0140-6736(20)30260-9.
- [3] Chan JF, et al. Genomic characterization of the 2019 novel human-pathogenic coronavirus isolated from a patient with atypical pneumonia after visiting Wuhan. *Emerg Microbes Infect.* 2020 Jan 28;9(1):221-236. doi: 10.1080/22221751.2020.1719902.
- [4] Zhou P et al. A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. *Nature*. 2020 Mar;579(7798):270-273. doi: 10.1038/s41586-020-2012-7.
- [5] Lu R et al. Genomic characterisation and epidemiology of 2019 novel coronavirus: implications for virus origins and receptor binding. *Lancet* 2020. 395(10224):565-574. doi: 10.1016/S0140-6736(20)30251-8.
- [6] Banco de dados de genomas Gisaid, EpiCov. Acessado em 18 de abril de 2023. Disponível em: <https://www.epicov.org>
- [7] Libório, L; Resende, V. Introdução aos bancos de dados biológicos. In: *BIOINFO – Revista Brasileira de Bioinformática*. Ed. 1. Julho, 2021. doi: 10.51780/978-6-599-275326-16
- [8] Martin et al. CORDITE: The Curated CORona Drug INTERactions Database for SARS-CoV-2. *iScience*. 2020 Jul 24;23(7):101297. doi: 10.1016/j.isci.2020.101297
- [9] Santos, L. Docagem molecular: em busca do encaixe perfeito e acessível. In: *BIOINFO – Revista Brasileira de Bioinformática*. Edição 01. Julho, 2021. DOI: 10.51780/978-6-599-275326-09