


8

A BIOINFORMÁTICA NA ERA PRÉ E PÓS-PANDEMIA

Autores 8.1

Bibiana Sampaio de Oliveira Fam 

Revisão: Ana Paula Abreu , Aline Sampaio Cremonesi 

Cite este artigo 8.1

Fam, BSO. **A bioinformática na era pré e pós-pandemia**. BIOINFO. ISSN: 2764-8273. Vol. 3. p.08 (2023). doi: 10.51780/bioinfo-03-08

A **BIOLOGIA COMPUTACIONAL** teve sua origem na década de 1950 [1], junto à descoberta da estrutura de DNA veio a necessidade da utilização de computadores para a análise de sequência de ácidos nucleicos e proteínas. Porém, foi na década de 1980 que a utilização de computadores para a análise de sequências biológicas começou a ser amplamente utilizada por pesquisadores de diferentes áreas de pesquisa [2]. Nos anos seguintes houve um crescimento exponencial na aplicação da biologia computacional em diferentes áreas de conhecimento, e na década de 1990 surgiram diferentes algoritmos que ainda hoje são considerados grandes avanços no campo da bioinformática. Como exemplo temos ferramentas de análise de sequências, como o BLAST, que permitem a comparação rápida e eficiente de sequências de DNA e proteínas [3] os *microarrays* implementados para análise de dados de expressão gênica [2,4]. Ganharam força também análises de dados de evolução molecular, que permitem entender como as espécies evoluíram ao longo do tempo e também como diferentes modificações em genes e proteínas levam a novas funções. Assim, podemos dizer que os anos 1990 foram fundamentais para o salto que viria a partir dos anos 2000 [2].

Com o avanço das tecnologias de sequenciamento de DNA e o aumento exponencial de dados genômicos disponíveis, surgem desafios e oportunidades no campo da bioinformática. Assim, os anos 2000 foram uma década de grande progresso na área, surgindo novos desafios e oportunidades na análise de dados biológicos. Observamos o aprimoramento de antigas ferramentas e o desenvolvimento de novas ferramentas para a análise de dados, como algoritmos de alinhamento de sequência genômicas entre diferentes espécies e indivíduos. A consolidação das ferramentas “ômicas” para análises de genômica, proteômica, transcriptômica e metabolômica [5]. Além disso, o grande volume de dados genômicos permitiu avanços nas áreas de evolução humana e molecular jamais imagináveis a anos atrás.

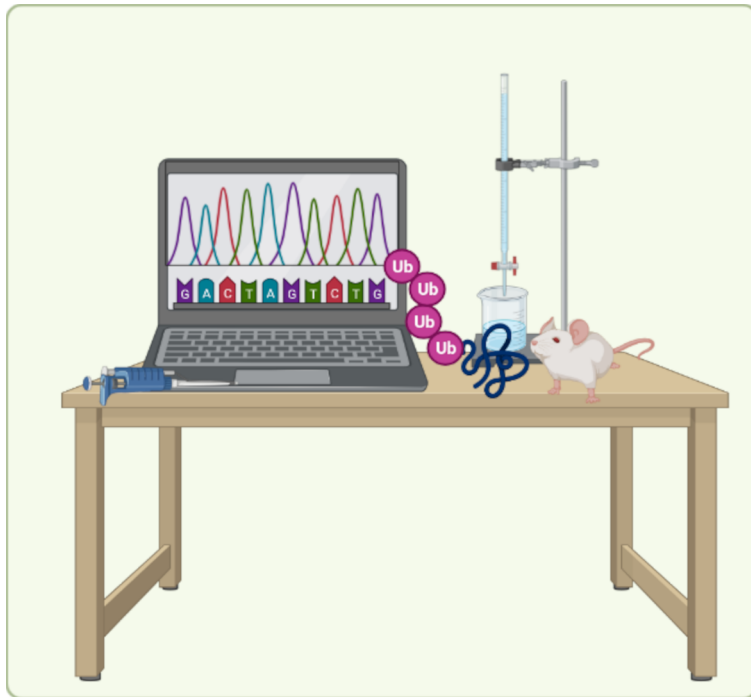


Figura 8.1: Sequenciamento. Fonte: autoria própria.

Todo este conhecimento consolidado na área da biologia computacional permitiu com que a humanidade respondesse de maneira rápida e certa em um momento crucial de sua história: a **pandemia de COVID-19**. E assim podemos afirmar que uma das áreas que teve um papel crucial no combate à pandemia foi a bioinformática, que é a aplicação da tecnologia da informação para análise de dados biológicos. Nunca em um momento crítico como este a ciência mundial teve uma resposta tão rápida em identificar um patógeno. Através das ferramentas de bioinformática tivemos capacidade de realizar a vigilância genômica e epidemiológica de SARS-CoV-2 e desenvolver vacinas em tempo recorde. Por isso, podemos dizer que a pandemia de Covid-19 trouxe à tona a importância da pesquisa científica e de tecnologia no enfrentamento de crises globais de saúde. Na era pós-pandemia, a bioinformática continuará sendo uma ferramenta essencial para a pesquisa em saúde, em diversas áreas além das já consolidadas ciências "ômicas"[6,7].

A bioinformática tem sido utilizada para entender melhor a resposta imune ao vírus e identificar fatores de risco para a Covid-19 e diferentes graus de suscetibilidade. Outra área em que a bioinformática pode ser aplicada é na identificação de variantes do vírus que possam escapar da imunidade já conferida pelas vacinas atuais, promovendo cada vez mais uma medicina personalizada, aprimorando a farmacogenética e a medicina de precisão, na descoberta de medicamentos, diagnóstico de doenças, desenvolvimento de vacinas [6,7,8].

Através da bioinformática, é possível analisar grandes quantidades de dados biológicos e encontrar informações relevantes para o desenvolvimento de novas terapias e tratamentos. Portanto, na era pós-pandemia, a bioinformática continuará sendo uma ferramenta crucial para a pesquisa em saúde no desenvolver novas terapias e tratamentos, auxiliando na melhoria de diagnóstico de doenças e entender melhor as interações entre genes, doenças e ambiente.

Saiba mais 8.1

Este artigo está disponível em <https://bioinfo.com.br/a-bioinformatica-na-era-pre-e-pos-pandemia/>

8.1 Referências

- [1] Gauthier, J.; Vincent, A. T.; Charette, S. J.; Derome, N. A brief history of bioinformatics. *Brief Bioinform.* 2019. 20:1981–1996. DOI: 10.1093/bib/bby063
- [2] Hogeweg, P. The Roots of Bioinformatics in Theoretical Biology. *PLoS Comput Biol.* 2011. DOI: 1002021.10.1371/journal.pcbi.1002021
- [3] Wheeler, D.; Bhagwat, M. BLAST QuickStart: Example-Driven Web-Based BLAST Tutorial. In: Bergman NH, editor. Chapter 9. *Comparative Genomics: Volumes 1 and 2.* Totowa (NJ): Humana Press; 2007.
- [4] Pertea, M.; The Human Transcriptome: An Unfinished Story. *Genes*, 2012. 3:344–360. DOI: 10.3390/genes3030344
- [5] Freitas, A. S.; Pinto, H. B. Sequenciamento NGS: Status e Perspectivas In: *BIOINFO – Revista Brasileira de Bioinformática.* Ed. 1. Vol. 1. Julho, 2021. DOI: 10.51780/978-6-599-275326-04

[6] Santos, L. Docagem molecular: em busca do encaixe perfeito e acessível. In: BIOINFO – Revista Brasileira de Bioinformática. Ed. 1. Vol. 1. Julho, 2021. DOI: 10.51780/978-6-599-275326-09

[7] Silva, L. X.; Bastos, L. L.; Santos, L. H. Modelagem computacional de proteínas. In: BIOINFO – Revista Brasileira de Bioinformática. Ed. 1. Vol. 1. Julho, 2021. DOI: 10.51780/978-6-599-275326-08

[8] Rosa, R. S. L., Esteves, M. E. A., Bulla, A. C. S., Silva, M. L. Preditores farmacocinéticos e toxicológicos in silico para via oral: conheça e análise ADMETox. BIOINFO- Revista Brasileira de Bioinformática 01. Julho, 2021. DOI: 10.51780/978-6-599-275326-08