


18

A BIOINFORMÁTICA E A COMPREENSÃO DA VIDA

Autores 18.1

Thiago M. N. de Camargo 

Revisão: Wylerson Nogueira, , Ana Carolina Silva Bulla, 

Cite este artigo 18.1

Camargo, TMN. **A Bioinformática e a Compreensão da Vida**. BIOINFO. ISSN: 2764-8273.
Vol. 3. p.18 (2023). doi: 10.51780/bioinfo-03-18

A Bioinformática é um campo interdisciplinar que combina a Ciência da Biologia com a Ciência da Computação, a Estatística e outras disciplinas relacionadas [2, 3]. Através da análise de grandes quantidades de dados genômicos, a Bioinformática tem sido fundamental para entender a origem e evolução da vida na Terra [14]. Estudos têm mostrado que as moléculas de RNA podem ter desempenhado um papel crucial nos estágios iniciais da evolução [6], levando à hipótese do Mundo de RNA [4].

Utiliza-se a Bioinformática para diversos fins dentre eles analisar e interpretar informações biológicas, como genomas, proteomas, vias metabólicas e redes regulatórias [7], até simulações de evolução molecular cujo fim pode ser ampliar nossa compreensão das origens e evolução da vida [11, 14].

Considerando a Bioinformática uma ciência e não apenas um conjunto de técnicas, metodologias e afins, sua história recente é marcada não apenas pela descoberta da estrutura do DNA, mas também pelo desenvolvimento de tecnologias de sequenciamento molecular [6], o que possibilitou o seu uso para a leitura de sequências de nucleotídeos que formam o material genético de um organismo, mas também para a própria modelagem de complexos químicos fundamentais, como as proteínas [11].

As tecnologias de sequenciamento de nova geração (NGS) têm gerado uma grande quantidade de dados, sendo necessário que bioinformatas desenvolvam ferramentas e métodos computacionais que lidem de maneira cada vez mais eficiente com esses dados [8].

A Bioinformática também é empregada em pesquisas médicas, contribuindo para a identificação de mutações genéticas em doenças hereditárias [8], descoberta de novos medicamentos ou, ainda, para melhor entender a biologia de doenças como Câncer, Parkinson e Alzheimer [2]. Pode ser também empregada

em estudos metagenômicos de ambientes especiais, como cavernas [1] e objetos artificiais, como Minas subterrâneas, abrindo, assim, um campo de possibilidades não apenas para a descoberta de novos fármacos e compostos de interesse industrial, mas a própria compreensão da vida uma vez que esses ambientes possuem baixa concentração de matéria orgânica sendo classificados como oligotróficos. [1, 10]

A partir da análise de grandes quantidades de dados genômicos e da identificação de novos microrganismos e compostos com atividade biotecnológica relevante, essas informações podem ser utilizadas para o desenvolvimento de novos produtos químicos, medicamentos e processos biotecnológicos [2], além de contribuir para a compreensão da ecologia dos microrganismos nesses ambientes [1].

A Bioinformática está em contínuo desenvolvimento, exercendo um importante papel na pesquisa biológica nos setores de economia, biotecnologia e indústria. Com o avanço das tecnologias de sequenciamento e a crescente disponibilidade de dados biológicos, a Bioinformática continuará a ser crucial para a compreensão da biologia dos organismos, a origem e evolução da vida e no desenvolvimento de novas terapias e medicamentos que auxiliarão a nossa persistência sobre o planeta [5].

Saiba mais 18.1

Este artigo está disponível em <https://bioinfo.com.br/a-bioinformatica-e-a-compreensao-da-vida/>

18.1 Referências

[1] ADETUTU, Eric M.; BALL, Andrew S. Microbial diversity and activity in caves. *Microbiology Australia*, v. 35, n. 4, p. 192-194, 2014.

[2] ATTWOOD, Teresa K. *Introduction to bioinformatics*. Addison-Wesley Longman Limited, 1999.

- [3] BAXEVANIS, Andreas D.; OUELLETTE, Francis. *Bioinformatics: A practical guide to the analysis of genes and proteins*. John Wiley & Sons. Inc. NY, USA, v. 518, 2001.
- [4] BENNER, Steven A.; ELLINGTON, Andrew D.; TAUER, Andreas. Modern metabolism as a palimpsest of the RNA world. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 1989, 86.18: 7054-7058.
- [5] GAUTHIER, Jeff et al. A brief history of bioinformatics. *Briefings in bioinformatics*, v. 20, n. 6, p. 1981-1996, 2019.
- [6] JOYCE, Gerald F. The antiquity of RNA-based evolution. *Nature*, 2002, 418.6894: 214-221.
- [7] LANDER, E. S. et al. 403 Doyle M, FitzHugh W et al: Initial sequencing and analysis of the human genome. 404. *Nature*, v. 409, n. 6822, p. 860-921, 2001.
- [8] LESK, Arthur M. *Introduction to genomics*. Oxford University Press, 2017.
- [9] MARRA, Marco et al. A physical map of the human genome. *Nature*, v. 409, n. 6822, p. 934-941, 2001.
- [10] MOLDOVAN, Oana Teodora; KOVÁČ, Ľubomír; HALSE, Stuart (ed.). *Cave ecology*. 2018.
- [11] NEW, Michael H.; POHORILLE, Andrew. An inherited efficiencies model of non-genomic evolution. *Simulation Practice and Theory*, 2000, 8.1-2: 99-108.
- [12] POHORILLE, Andrew; DEAMER, David. Artificial cells: prospects for biotechnology. *Trends in biotechnology*, 2002, 20.3: 123-128.
- [13] VALENCIA, Alfonso; PAZOS, Florencio. Computational methods for the prediction of protein interactions. *Current opinion in structural biology*, v. 12, n. 3, p. 368-373, 2002.
- [14] WOESE, Carl R.; KANDLER, Otto; WHEELIS, Mark L. Towards a natural system of organisms: proposal for the domains Archaea, Bacteria, and Eucarya. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, v. 87, n. 12, p. 4576-4579, 1990.