



A bioinformática e sua importância para a biologia molecular

Sônia Maria Alves

Professora e gestora escolar, graduada em Biologia e especialista em Bioquímica e Biologia Molecular, pela Faculdade Leão Sampaio
Email: soniamariaalves@bol.com.br

Resumo: A Bioinformática foi desenvolvida com o objetivo de mapear as sequências genéticas. E, após seu desenvolvimento, os biólogos moleculares passaram a utilizar métodos estatísticos capazes de analisar grandes quantidades de dados biológicos. Atualmente, com essa nova ciência é possível prever funções de genes e demonstrar relações entre genes e proteínas. Ela proporciona o levantamento do maior número de informações biológicas e estatísticas possíveis. Através dela, o biólogo compara, verifica e entende o significado dos dados em estudo. E esta possibilidade demonstra que a Bioinformática é uma ciência com um futuro promissor, pois cada vez mais o homem se torna dependente da informática e de seus sistemas. Por ser uma ciência recente, a Bioinformática ainda não possui uma definição precisa o que faz com que lhe seja dada a tarefa de organizar e analisar dados incrivelmente complexos resultantes de modernas técnicas de Biologia Molecular e Bioquímica. Contudo, ela pode ser entendida com um campo emergente da pesquisa, que utiliza ferramentas computacionais avançadas para o armazenamento, análise e apresentação de dados biológicos e moleculares, sendo, portanto, uma área interdisciplinar que absorve a ciência da computação, matemática, biologia, física e medicina, produzindo entre estas ciências, um processo de interação. Como ciência, a Bioinformática objetiva, entre outros, o gerenciamento e análise dos dados biológicos usando técnicas avançadas de computação, especialmente importantes na análise dos dados sobre pesquisa do genoma. Ela se tornou uma disciplina independente na década de 1980, oportunidade em que primeira vez os algoritmos eficientes foram desenvolvidos para lidar com o volume crescente de informação. Isto ocorreu devido o aprimoramento das técnicas de sequenciamento e de novas tecnologias. No Brasil, a Bioinformática foi utilizada primeira vez em 1997, num projeto de sequenciamento do genoma da bactéria *Xylella fastidiosa*, causadora da doença do amarelinho nos laranjais. Dinâmica e construtiva, a Bioinformática utiliza como ferramentas a Matemática Aplicada e a Computação, dando, direta e indiretamente, uma grande contribuição à Biologia Molecular e a várias outras Ciências Biológicas e Médicas. Seu desenvolvimento tem proporcionado várias conquistas nos campos médico e tecnológico.

Palavras-chave: Bioinformática. Biologia Molecular. Importância.

Bioinformatics and its importance for molecular biology

Abstract: Bioinformatics has been developed in order to map the genetic sequences. And, after its development, molecular biologists began to use statistical methods to analyze large amounts of biological data. Currently, with this new science it is possible to predict functions of genes and demonstrate links between genes and proteins. It provides a survey of the largest number of biological information and statistics possible. Through it, the biologist compares notes and understands the meaning of data in the study. And this possibility shows that Bioinformatics is a science with a promising future, as more man becomes dependent on the computer and its systems. Being a new science, Bioinformatics does not have a precise definition which means he is given the task of organizing and analyzing data incredibly complex resulting from modern techniques of molecular biology and biochemistry. However, it can be understood with an emerging field of research that uses advanced computational tools for storage, analysis and presentation of molecular biological data and, therefore, an interdisciplinary area that absorbs computer science, mathematics, biology, physics and medicine, producing among these sciences, a process of interaction. As science, Bioinformatics aims, among others, managing and analyzing biological data using advanced computing techniques, especially important in the analysis of data on genome research. She became a separate discipline in the 1980s, at which time the first efficient algorithms were developed to handle the growing volume of information. This occurred because the improvement of sequencing techniques and new technologies. In Brazil, Bioinformatics was used first time in 1997, a project of sequencing the genome of the bacterium *Xylella fastidiosa*, which causes yellowing disease in oranges. Dynamic and constructive, using bioinformatics tools such as the Applied Mathematics and Computation, giving, directly and indirectly, a major

contribution to molecular biology and many other biological and medical sciences. Its development has brought many achievements in medical and technological fields.

Keywords: Bioinformatics. Molecular biology. Importance.

1 Introdução

Na atualidade, vive-se a era da informação. Os avanços tecnológicos imprimiram uma nova ordem mundial, determinando novos princípios, alterando antigos conceitos e criando novas áreas do conhecimento humano.

Desta forma, as ciências existentes tiveram que se adequarem aos princípios tecnológicos, informatizando-se para poder acompanhar o avanço que a informática proporcionou e vem proporcionando à humanidade. Assim, surgiu a Bioinformática, utilizada como ferramenta auxiliar na investigação de fatores relacionados com a sistemática e na solução de problemas biotecnológicos, como a montagem e interpretação de genomas.

Durbano et al. (2006), afirmam que a Bioinformática utiliza as ferramentas da computação para entender e resolver os problemas da Biologia Molecular. E, que tal disciplina constitui-se numa evolução exponencial, possuindo raízes nas Ciências da Computação, na Estatística e na Biologia Molecular.

Prosdocimi e Santos (2004, p. 54), destacam que:

A Bioinformática consiste principalmente na análise computacional de sequências de DNA, RNA e proteínas. Essa nova ciência surgiu na última década em função da necessidade de ferramentas sofisticadas para analisar o crescente volume de dados gerado em biologia molecular.

A Bioinformática foi desenvolvida com o objetivo de mapear as sequências genéticas. E, após seu desenvolvimento, os biólogos moleculares passaram a utilizar métodos estatísticos capazes de analisar grandes quantidades de dados biológicos. Atualmente, com a Bioinformática, é possível prever funções de genes e demonstrar relações entre genes e proteínas.

Prosdocimi e Santos (2004, p. 54), ressaltam ainda que:

Muitos creem que essa ciência [a Bioinformática] consista em qualquer análise computacional de problemas biológicos, mas isso não está de acordo com sua origem. A Bioinformática clássica surgiu com o sequenciamento de biomoléculas e destas permanece inseparável.

A Bioinformática proporciona o levantamento do maior número de informações biológicas e estatísticas possíveis. Através dela, o biólogo compara, verifica e entende o significado dos dados em estudo. E esta possibilidade demonstra que a Bioinformática é uma ciência com um futuro promissor, pois cada vez mais o homem se torna dependente da informática e de seus sistemas.

O presente artigo tem por objetivo mostrar a importância da Bioinformática para o desenvolvimento da Biologia Molecular.

2 Revisão de Literatura

2.1 Bioinformática: Conceito e considerações gerais

Como área do conhecimento humano, a Bioinformática é formada, principalmente, pela Biologia Molecular e pela Ciência Computacional, agregando também muitos elementos de outras disciplinas destas duas ciências.

Durbano et al. (2006, p. 2985) afirmam que:

A Bioinformática é uma nova disciplina científica, caracterizada desde a aplicação da tecnologia de informação até o gerenciamento de dados biológicos, ou seja, é a ciência que utiliza as ferramentas da computação para entender e resolver os problemas da biologia.

A Bioinformática pode ser definida como o armazenamento, o processamento, a análise, a previsão e a modelação de dados biológicos com a ajuda das ciências e tecnologias da computação.

Por ser uma ciência recente, a Bioinformática ainda não possui uma definição precisa o que faz com que lhe seja dada “a tarefa de organizar e analisar dados incrivelmente complexos resultantes de modernas técnicas de Biologia Molecular e Bioquímica” (QUEIROZ, 2002, p. 2).

Prosdocimi e Santos (2004, p. 55) acrescentam que:

[...] a Bioinformática consiste em todo tipo de estudo ou de ferramenta computacional que se pode realizar e/ou produzir de forma a organizar ou obter informação biológica a partir de sequências de biomoléculas. Se o estudo envolve sequências de biomoléculas (DNA, RNA ou proteínas), direta ou indiretamente, trata-se de Bioinformática.

A Bioinformática é uma nova disciplina científica, voltada à análise de dados biológicos. Uma definição mais ampla para o referido termo seria a aplicação de ferramentas de computação para análise, captura e interpretação de dados biológicos.

Acrescenta Ribeiro (2005, p. 182), que “a Bioinformática é um campo emergente da pesquisa, que utiliza ferramentas computacionais avançadas para o armazenamento, análise e apresentação de dados biológicos e moleculares”.

Abordando o desenvolvimento da Bioinformática, Prosdocimi e Santos (2004), afirmam que a mesma possui raízes, ou seja, recolhe técnicas e ferramentas nas seguintes áreas:

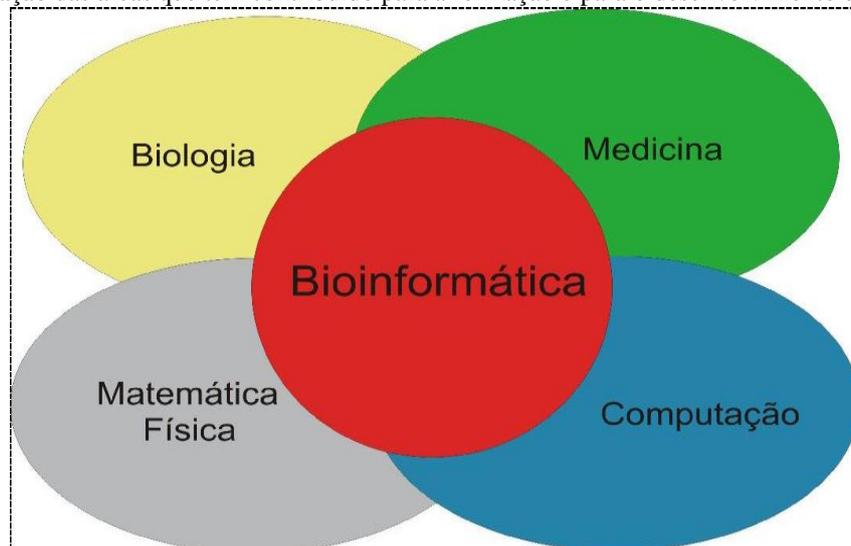
a) Biologia molecular: fonte de informação a analisar;

b) Ciências da Computação ou Informática: providencia o *hardware* para a análise e as redes para partilhar os resultados;

c) Matemática: origem dos algoritmos utilizados na análise de informação.

Na concepção de Silveira (2005, p. 27), a Bioinformática “é uma área interdisciplinar que absorve a ciência da computação, matemática, biologia, física e medicina”, produzindo entre estas ciências, um processo de interação.

Figura 1 - Interação das áreas que têm contribuído para a formação e para o desenvolvimento da bioinformática



Fonte: Silveira (2002).

Corroborando com esse pensamento, acrescenta Prosdociimi (2007), que além disso a Bioinformática reúne diversas linhas de conhecimento, tendo como finalidade principal desvendar a grande quantidade de dados que vem sendo obtida através de sequências de DNA e proteínas.

Informa Queiroz (2002, p. 5), que:

Inicialmente, a Bioinformática havia sido uma colaboração entre diferentes grupos de pesquisas em diferentes países. Hoje a Bioinformática está sendo transformada em uma ciência independente graças ao advento dos bancos de dados centralizados, a comunicação via Internet, e aos projetos genoma que impulsionam o incrível aperfeiçoamento das técnicas de clonagem e sequenciamento.

Vista como uma linha de pesquisa que envolve aspectos multidisciplinares, a Bioinformática surgiu quando o homem começou a utilizar as ferramentas computacionais para a análise de dados genéticos, bioquímicos e de biologia molecular. E, segundo Durbano et al. (2006, p. 2985-2986), as pesquisas desenvolvidas nessa área:

[...] envolve diversas aplicações que compreendem o desenvolvimento de técnicas analíticas quantitativas à modelagem de sistemas biológicos, tanto no seu aspecto funcional de representação quanto no armazenamento e distribuição de dados relacionados, bem como no desenvolvimento de bancos de dados e de ferramentas de „web” para acessá-los. Assim, através da bioinformática também é possível auxiliar na investigação de fatores relacionados

com a sistemática e na solução de problemas biotecnológicos, como a montagem de genomas, tanto sua interpretação como seus efeitos. Também se pode realizar a modelagem de proteínas por homologia, cuja elucidação é capaz de gerar uma melhor ideia sobre segmentos proteicos de importância funcional.

Desta forma, ela consiste no desenvolvimento e no uso de técnicas de informática, de modelagem matemática e computacional, bem como de modelagem probabilística e estatística, visando resolver problemas de Biologia Molecular. Sua função é estabelecer uma ‘convergência tecnológica’, levando em consideração o conhecimento que utiliza destas áreas que lhe oferece fundamentação.

Explica Lifschitz (2006, p. 2), que:

A Bioinformática objetiva, entre outros, o gerenciamento e análise dos dados biológicos usando técnicas avançadas de computação, especialmente importantes na análise dos dados sobre pesquisa do genoma. Os cientistas são auxiliados na criação e manutenção de bancos de dados para armazenamento das informações biológicas sobre sequências de DNA, síntese de RNA e geração de proteínas. Porém, avanços metodológicos na análise de dados são necessários para transformar técnicas experimentais (microscopia moderna, nanotecnologia) em conhecimento.

Desta forma, através da combinação de procedimentos e técnicas da matemática, estatística e ciência da computação são elaboradas várias ferramentas,

que auxiliam o pesquisador a compreender o significado biológico representado nos dados genômicos.

De acordo com Queiroz (2002, p. 2):

Para muitos, a Bioinformática é uma importante ferramenta para a compreensão de como as informações contidas nos genes são refletidas em características fisiológicas, como inteligência, crescimento dos cabelos ou susceptibilidade ao câncer.

Através da criação de bancos de dados com as informações já processadas, é possível acelerar a investigação em outras áreas como a Medicina, a Biotecnologia, a Agronomia, etc. Ademais, além de oferece algoritmos, bancos de dados e ferramentas estatísticas, a Bioinformática auxiliar no desenvolvimento de softwares para a Biologia Molecular e para web sites de Biotecnologia (ARAÚJO et al., 2005).

No Brasil, a Bioinformática foi utilizada primeira vez em 1997, num projeto de sequenciamento do genoma da bactéria *Xylella fastidiosa*, causadora da doença do amarelinho nos laranjais, oportunidade em que foram investidos cerca de US\$ 13 milhões na montagem de 36 laboratórios (ARAÚJO, 2004).

Rapidamente, essa ciência ganhou importância no Brasil, sendo tema abordado em vários congressos, seminários eventos, realizados no campo da Biologia Molecular, da Engenharia de Softwares, da Genética, da Agronomia, da Biomedicina e da própria Medicina, além de outras ciências. E, essa importância também se refletiu no campo empresarial voltado para a produção de softwares, estimulando, assim, o surgimento dos primeiros cursos de Bioinformática, no Brasil. (ARAÚJO, 2004).

2.2 Surgimento e desenvolvimento da Bioinformática

O conceito de Bioinformática surgiu na década de 1990 como uma nova área do conhecimento científico, representando a interação da Biologia com a Informática. No entanto, seus fundamentos tiveram origem muitos anos antes e era aplicados bem antes dos grandes projetos genoma e das tecnologias, que a tornaram uma área tão importante atualmente.

Otto et al. (2007, p. 289) afirmam que:

É possível situar as origens da Bioinformática e da Biologia Computacional na década de 1960, quando avanços tecnológicos permitiram que os computadores emergissem como ferramentas importantes na Biologia Molecular (assim como em todas as outras áreas).

No entanto, foi na década de 1980 que a Bioinformática se tornou uma disciplina independente, oportunidade em que primeira vez os algoritmos eficientes foram desenvolvidos para lidar com o volume crescente de informação. Isto ocorreu devido o aprimoramento das técnicas de sequenciamento e de novas tecnologias.

Ainda de acordo com Otto et al. (2007), a Bioinformática surgiu graças aos seguintes fatores:

a) ao crescente número de sequências proteicas disponíveis, ao mesmo tempo uma fonte de dados e de questões importantes, porém intratáveis sem o auxílio de um computador;

b) à ideia de que as macromoléculas carregam informação tem se tornado parte fundamental do modelo conceitual da Biologia Molecular e;

c) à disponibilidade de computadores mais rápidos nas principais universidades e centros de pesquisa.

Acrescentam Prosdocimi et al. (2006, p 55) que:

O reconhecimento da Bioinformática deu-se em 1995, após a leitura do genoma de uma bactéria. Desta forma, pode-se afirmar que o surgimento da Bioinformática clássica ocorreu com o sequenciamento de biomoléculas. Atualmente, a Bioinformática está bastante avançada. Este avanço pode ser percebido quando se decifra um gene com aproximadamente 12 mil bases em menos de 1 minuto. Para se tiver uma ideia, em 2000 esse tempo era de 20 minutos e há 20 anos era de mais ou menos 1 ano.

A Bioinformática passou a ter destaque a partir da década de 1990 com o aparecimento do Projeto Genoma. E, por lidar com o armazenamento de uma grande quantidade de dados, provocou um considerável avanço na área da informática (engenharia de software), especialmente no desenvolvimento de processadores e de memórias mais poderosas (MELLO et al., 2008).

Dissertando também sobre o surgimento da Bioinformática, Silveira (2005, p. 26), ressaltar que:

Esta nova área passou a fazer parte de todos os projetos biológicos como forma de analisar grandes quantidades de dados, possibilidade de armazenamento em bancos de dados e apresentação de tais resultados em interfaces acessíveis via *web*, tornando a pesquisa mais interativa e dinâmica.

Atualmente, a Bioinformática está bastante avançada. Avaliando esse desenvolvimento, Mello et al. (2008) afirmam que hoje é possível decifrar um gene com aproximadamente 12 mil bases em menos de 1 minuto. E, que em 2000, para se realizar essa mesma tarefa era necessários 20 minutos, enquanto que no final da década de 1980 leva-se mais ou menos 1 ano.

Antes do surgimento da Bioinformática, o sequenciamento de DNA era realizado manualmente, exigindo dos sequenciadores muito tempo de trabalho. Mesmo assim, com o tempo, a quantidade de dados aumentou, surgindo assim a necessidade de manter esses dados acessíveis e organizados. Nesse contexto, surgiu a Bioinformática desenvolvida para atender, num curto espaço de tempo, essa necessidade.

2.3 Bioinformata: Um novo profissional no mercado

A Bioinformática trouxe para o mercado um novo profissional com conhecimentos sobre os problemas biológicos, capaz de analisá-los e a partir dos resultados encontrados e criar métodos para explicá-los. Esse

profissional é o bioinformata, que “dado o sucesso e a importância que alcançaram os projetos Genoma e seus desmembramentos, tem sido um profissional requisitado e raro” (PROSDICIMI et al., 2002, p. 12).

Os primeiros projetos desenvolvidos no campo da Bioinformática eram compostos por profissionais de diferentes áreas da Biologia e Informática e havia uma certa dificuldade de comunicação entre esses técnicos, gerando a necessidade de um novo profissional, que entendesse bem ambas as áreas e fizesse a ponte entre elas (PROSDICIMI et al., 2002).

Afirma Araújo (2004), que o bioinformata precisa ter familiaridade com os princípios e técnicas laboratoriais da Biologia Molecular, além de domínio da ciência da computação. E que ele é o responsável pela seção de Biologia Molecular nos laboratórios.

Desde o princípio, do bioinformata vem sendo exigido o conhecimento suficiente para entender os problemas biológicos reais, criar variáveis de desenvolvimento e interpretá-las, observando a abordagem computacional. E, segundo Arbex; Silva e Costa (2006), o grande volume de informações é um dos desafios desse profissional.

Por essa condição, o profissional de Bioinformática além de necessitar de conhecimentos sobre Biologia Molecular, Matemática, Estatística e Probabilidade, precisa também dominar algum tipo de linguagem de programação. E, não somente saber utilizar os programas produzidos por outros programadores, mas também ser capaz de desenvolver programas aplicativos.

Ainda segundo Prosdicimi (2007, p. 5), esse profissional precisa também conhecer “profundamente as diferenças e as boas e más qualidades dos principais bancos de dados públicos sobre sequências e estruturas de biomoléculas”.

É importante ressaltar que o surgimento do bioinformata no Brasil é resultante do apoio de instituições de fomento à ciência, a exemplo da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), que financiou e coordenou a execução do Projeto Genoma brasileiro (ARAÚJO, 2004).

2.4 As ferramentas de Bioinformática e a Bioinformática como ferramenta

Arbex; Silva e Costa (2006), informam que a Bioinformática pode ser utilizada sob os seguintes aspectos:

a) ferramenta de Bioinformática: visando complementar ou basilar e fornecer infraestrutura para o desenvolvimento dos trabalhos de pesquisa;

b) Bioinformática como ferramenta: responsável pela interpretação do conhecimento gerado, que será utilizado por outras áreas de pesquisa.

Quando se discute a utilização das ferramentas de Bioinformática, pode-se apresentar como exemplo o seu uso no armazenamento de dados, permitindo o tratamento dos diversos tipos de dados. Assim, a partir do momento em que se procura interpretar esses dados, tem-se a Bioinformática como ferramenta.

Através da utilização das ferramentas de Bioinformática, pode-se esclarecer várias questões relacionadas aos sequenciamentos das partículas, suas

características e composições, tornando fácil sua identificação. Como ferramenta, a Bioinformática tem uma aplicação na geração de conhecimento para outras áreas, gerando dados e informações que são utilizadas para interpretar vários estudos (ARBEX; SILVA; COSTA, 2006).

2.5 A utilização da Bioinformática na Biologia Molecular

Considerada uma área recente de investigação científica, a Bioinformática teve início a partir do momento em que o homem começou a utilizar o computador para manipular informação biológica.

Abordando o processo de desenvolvimento dessa ciência, Campos (2009, p. 65), destaca que:

A preocupação inicial [da Bioinformática] foi à criação e manutenção de bancos de dados para armazenar informação biológica. Conforme as bases de dados genômicos foram preenchidas e os genomas sequenciados, o foco das pesquisas começou a se transferir do mapeamento dos genomas para a análise da vasta gama de informações resultantes da caracterização funcional dos genes.

Atualmente, a Bioinformática se apresenta como um campo das ciências biológicas que está em rápido crescimento, desenvolvendo-se para atender à necessidade de manipular grandes quantidades de dados genéticos e bioquímicos.

Entende Pereira (2007, p. 4), que:

A Bioinformática é um dos pilares da biotecnologia moderna, responsável pelo desenvolvimento e a aplicação de ferramentas da tecnologia da informação para permitir organização, gestão, análise e interpretação de dados em suporte ao tratamento de questões biológicas relevantes. As técnicas de diagnósticos precoces e precisos de doenças complexas, o desenvolvimento e a análise de eficácia de drogas, a melhoria de espécies animais e vegetais de interesse econômico, a produção de energia renovável e a criação de moléculas bioativas para os mais variados ramos industriais prometem ampliar o leque de utilidades de sistemas biológicos.

Em seu processo de trabalho, a Bioinformática colhe informações em diversas áreas a exemplo da Biologia Molecular, da Bioquímica Estrutural, da Enzimologia, da Fisiologia e da Patologia. E, para compreender a relação entre essas informações, ela “usa o poder computacional para catalogar, organizar e estruturar estas informações em uma entidade compreensiva e extremamente importante para a Biologia”, que “são reflexões da organização celular da vida e seu denominador comum é a evolução dos seres vivos a partir de uma forma ancestral comum (QUEIROZ, 2002, p. 2).

Na concepção de Mello et al. (2008), a Bioinformática pode ser vista mais como uma ferramenta

a serviço da Biologia Molecular, oferecendo algoritmos, bancos de dados, interfaces com o usuário e ferramentas estatísticas.

Por outro lado, é importante destacar que o elevado número de informações geradas todos os dias pelo mapeamento de genes necessitam ser armazenadas de forma sistemática em bancos de dados computacionais, através da Bioinformática, servindo de base para estudos médicos e biológicos.

Informam Silveira e Librelotto (2007), que a representação da informação genômica, obtida pelos esforços de sequenciamento de nucleotídeos do DNA, é essencial para o tratamento computacional pós-genômico, e isto mostra a importância da Bioinformática para o desenvolvimento da Biologia Molecular.

Abordando a importância da utilização da Bioinformática na Biologia Molecular, Otto et al. (2007, p. 293), afirmam que:

A Bioinformática encontra sua utilidade na solução de problemas relacionados principalmente à execução de determinadas tarefas, tais como análise de sequências nucleotídicas e protéicas, buscas por similaridade, anotação de genes e genomas, sequenciamento e montagem de genomas, assim como nas áreas de genômica comparativa, filogenia molecular e modelagem molecular.

Desta forma, percebe-se que a Bioinformática além de constituiu-se num suporte aos projetos de pesquisa, no campo da Biologia Molecular, oferece subsídios e sinergismo aos projetos de desenvolvimento tecnológico, facilitando o desenvolvimento das pesquisas de seus usuários.

Prosdocimi e Santos (2004, p. 57), destacam que “a Bioinformática traz uma abordagem científica aos dados gerados em projetos Genoma, como já fazem outras ciências bem estabelecidas, como a Biologia Molecular, a Genética e a Bioquímica”.

Através da Bioinformática, os projetos genoma trouxeram muitas revelações para a humanidade. Foi possível verificar que o código genético humano é mais variado e complexo do que propriamente maior, quando comparado ao de outras espécies (ARBEX; SILVA; COSTA, 2006).

A sequenciamento de genomas de vários organismos, incluindo o humano, levou ao aparecimento de novos desafios para a Bioinformática, exigindo, segundo Campos (2009), o desenvolvimento de novas áreas emergentes, tais como:

- a) a Genômica Funcional: procura identificar a função dos genes;
- b) a Genômica Comparativa e Evolutiva: procura perceber como evoluíram as diferentes espécies e qual a informação genética responsável por essa evolução;
- b) a Proteômica: visa à catalogação de todas as proteínas de um ser vivo e procura revelar os mecanismos bioquímicos responsáveis por disfunções ao nível molecular e que são a causa de muitas das doenças atuais.

Estas novas áreas estão, têm produzido uma grande revolução no campo da Biologia e da

Biomedicina, cujo impacto já visível ao nível de diagnóstico e rastreamento de várias doenças genéticas.

Na opinião de Wieczorek e Leal (2008, p. 4):

A bioinformática representa, hoje, um dos grandes desafios para se tentar decifrar o genoma, pois ao mesmo tempo que é uma forma de se conseguir informações imediatas para os dados do genoma que vem sendo descobertos, também é a base para um sucesso científico futuro.

Dinâmica e construtiva, a Bioinformática utiliza como ferramentas a Matemática Aplicada e a Computação, dando, direta e indiretamente, uma grande contribuição à Biologia Molecular e a várias outras Ciências Biológicas e Médicas. Seu desenvolvimento tem proporcionado várias conquistas nos campos médico e tecnológico.

Na concepção de Queiroz (2002, p. 5):

A Biologia molecular de hoje seria impossível sem os recursos de bioinformática, tais como o armazenamento, distribuição e atualização das informações, as análises estatísticas, a modelagem de dados e a simulação de fenômenos biológicos em computador. Pesquisas e tratamentos médicos, neurobiologia e o uso de sofisticados equipamentos de laboratório seriam impossíveis sem os computadores.

Atualmente, a Bioinformática é imprescindível para a manipulação dos dados biológicos. Ela se preocupa com a aquisição, o processamento, o armazenamento, a distribuição, a análise e a interpretação das informações produzidas, principalmente, no campo da Biologia Molecular. Mostrando a importância da utilização da Bioinformática na Biologia Molecular, Prosdocimi e Santos (2004, p. 56), destaca que:

A quantidade de informações gerada por um projeto genoma torna virtualmente impossível a análise destas (ou de uma pequena parcela) pelo grupo que gerou essa sequência completa de DNA. Assim, trabalhos posteriores, envolvendo fragmentos de diferentes genomas, serão necessários para analisar temas específicos (por exemplo, proteínas envolvidas no metabolismo de açúcares). Esses trabalhos de mineração de dados genômicos são característicos da chamada Bioinformática ‘peneira’.

Graça a essa nova ciência, os biólogos moleculares passaram a dispor de métodos estatísticos capazes de analisar grandes quantidades de dados biológicos e que são capazes predizerem as funções dos genes, além de demonstrarem as relações existentes entre estes e as proteínas.

2.6 Os desafios da Bioinformática na atualidade

Como toda ciência, a Bioinformática também enfrenta desafios. Estes são significativos e exigem uma atenção especial, principalmente pelo fato de ser

a Bioinformática uma ciência nova, ou melhor, ainda em processo de construção.

Tentando explicar esses desafios, Mello et al. (2008) informam que a Bioinformática atua nos seguintes tipos de problemas:

- a) problemas biotecnológicos;
- b) problemas além de tecnologia.

Complexos, os problemas resolvidos pela Bioinformática necessitam de grande poder de processamento. No entanto, as limitações tecnológicas atuais têm de certa forma, contribuído para aumentar as dificuldades no campo da Bioinformática. O sequenciamento do genoma, segue, portanto, uma progressão geométrica, ou seja, a cada descoberta o pesquisador está obrigado a processar outros dados em paralelo, gerando, assim, vários problemas, tanto de ordem tecnológica quanto de ordem biológica.

Essa dificuldade central, segundo Mello et al. (2008) denomina-se problemas biotecnológicos, que podem ser resolvidos com processamentos pesados, enquanto que os problemas que vão além da tecnologia, dizem respeito à natureza biológica.

Por sua vez, os problemas que vão além da tecnologia se configuram a partir da necessidade que se tem de identificar, catalogar e ordenar as formas estruturais encontradas na pesquisa, cujo trabalho é feito por algoritmos, desenvolvidos pelos bioinformatas.

No entanto, observam Prosdociimi e Santos (2004), que o armazenamento dos dados processados, constitui o maior dos problemas enfrentados pela Bioinformática na atualidade.

Em consonância com esse pensamento, Banerjee apud Mello et al. (2008), esclarece que existem quatro tecnologias poderosas que se mostram como promessas para resolver problemas em Bioinformática. São elas:

- a) a arquitetura de extensibilidade para armazenar uma sucessão de dados nativamente e executar estruturas de procura no banco de dados;
- b) tecnologias de “warehousing” para dados em padrões genéticos;
- c) tecnologias de integração de dados para habilitar questões heterogêneas por fontes biológicas distribuídas;
- d) tecnologias de portal de Internet que permitem publicar informações de pesquisas na área da Bioinformática, tanto para Intranets quanto para Internet.

Na atualidade, várias pesquisas estão sendo desenvolvidas visando criar ferramentas capazes de solucionar os problemas de armazenamento de dados complexos enfrentados pela Bioinformática.

3 Considerações Finais

A Bioinformática é uma área do conhecimento humano em expansão. Seu desenvolvimento tem alcançado um maior nível na última década, devido, principalmente, as inovações tecnológicas.

O campo de aplicação da Bioinformática é amplo. E, por essa razão, pode-se afirmar que essa ciência possui muitos usos, tanto em ciência básica quanto em ciência aplicada.

Um dos maiores desafios da Biologia moderna era entender os processos vitais em nível molecular. Num

curto período de menos de vinte anos, a Bioinformática vem auxiliando na superação desses desafios, demonstrando que é um poderoso instrumento para desbravar esse terreno com rapidez.

Com a Bioinformática, a Biologia Molecular adquiriu uma nova dimensão. Procedimentos de análises complexos foram simplificados, permitindo um melhor entendimento, principalmente, no estudo do DNA. Com ela, pode-se desenvolver programas de mapeamento genético, a exemplo do Genoma.

No entanto, não foi somente a Biologia Molecular que se beneficiou com o desenvolvimento da Bioinformática: a Medicina e a Agronomia, também já receberam grandes e significativas contribuições dessa nova ciência.

No campo da Agronomia, por exemplo, a Bioinformática tem contribuído para o melhoramento genético de algumas espécies de leguminosas, garantindo um uso imediato e uma possibilidade de produzir resultados em curto e médio prazo.

Criada a partir da Biologia Molecular, a Bioinformática rapidamente se desenvolveu e estruturou-se como ciência. Essa conquista foi possível graças ao desenvolvimento de inúmeros projetos genoma, que permitiram o aperfeiçoamento das técnicas de clonagem e de sequenciamento, dando importância ao trabalho da Bioinformática, que abriu campo para um novo profissional: o bioinformata.

Com a presente pesquisa foi possível perceber que a Bioinformática ainda é uma ciência que está definindo seu próprio papel. Mas, que já apresenta um grande desenvolvimento. Antes, fazia apenas parte dos currículos dos cursos da área de ciências biológicas. Atualmente, como já conquistou sua autonomia como ciência, constitui um dos vários cursos dessa área, sendo já oferecido em algumas universidades brasileiras.

Outra significativa conclusão foi que a Bioinformática se configura como um campo interdisciplinar, agindo como interface entre os campos científico e tecnológico. E, que essa interação tem permitido várias conquistas, a exemplo da interpretação dos dados referentes ao sequenciamento do genoma, trazendo assim, novos avanços para a Biologia Molecular.

É oportuno ressaltar que uma das formas possíveis de difundir a Bioinformática é pela extensão universitária e que essa ciência vem crescendo exponencialmente graças ao avanço das ciências e às novas descobertas científicas. No entanto, no caso específico do Brasil, o que mais dificulta o desenvolvimento dessa nova ciência é a falta de recursos humanos.

4 Referências

ARAÚJO, D. A. M. et al. Genômica e Bioinformática: Importância e perspectivas para o Nordeste. **Ciência e Cotidiano**, João Pessoa, n. 1, p.05-09, abr. 2005.

ARAÚJO, E. O biólogo das telas de computador. **Boletim do Conselho de Informações Sobre Biotecnologia**, ano 2, n. 7, nov/2004.

- ARBEX, W, SILVA, M. V. G. B. da, COSTA, V. M. M. S. Bioinformática como ferramenta nas pesquisas atuais. In: Encontro de Genética e Melhoramento da Universidade Federal de Viçosa, 3., 2006, Viçosa, MG. **Anais...** Viçosa: Grupo de Estudos de Genética e Melhoramento da Universidade Federal, 2006.
- CAMPOS, M. L. A. Aspectos semânticos da compatibilização terminológica entre ontologias no campo da bioinformática. **RECIIS - Revista Eletrônica de Comunicação, Informação e Inovação em Saúde**, v. 3, p. 64-75, 2009.
- DURBANO, J. P. M. [et al.]. **Bioinformática na extensão universitária: Uma abordagem prática**. João Pessoa: UFPB, 2006.
- LIFSCHITZ, S. Algumas pesquisas em bancos de dados e bioinformática. XXVI Congresso da SBC (Workshop de Biologia Computacional), 14-20 jul. 2006, Campo Grande, MS. **Anais**. Campo Grande: SBC, 2006.
- MELLO, G. E. C. [et al.]. Banco de Dados e Bioinformática. **Boletim de Saúde & Tecnologia Unisinos - Universidade do Vale do Rio dos Sinos**, n. 25, ano. 5, jan- mar/2008.
- OTTO, T. D. [et al.]. A plataforma PDTIS de bioinformática: da sequência à função. **Reciis - Revist Electr Com. Inf. & Inov. Saúde**. Rio de Janeiro, v. 1, n. 2, Sup. 1, jul.- dez. - 2007, p. 288-296.
- PEREIRA, N. Embrapa participa em São Paulo de conferência internacional de bioinformática. **AGRInforma - Jornal da Embrapa Informática Agropecuária**, ano 5, n. 29, Campinas, SP, novembro-dezembro/2007.
- PROSDOCIMI, F. **Introdução à Bioinformática** (2007). Disponível In: http://biotec.icb.ufmg.br/chicopro/FPProsdocimi07_Curso_Bioinfo.pdf. Acesso 20 jun. 2010.
- _____. et al. Bioinformática: Manual do Usuário. **Biociência & Desenvolvimento**. Brasília, v. 5, n. 29, p. 12-25, nov. 2002.
- _____; SANTOS, F. R. Sobre informática, genoma e ciência. **Ciência Hoje**, v. 35, n. 209, p. 54-57, out. 2004.
- QUEIROZ, A. Introdução a Bioinformática. Natal: UFRN/CB/DBF, 2002. (mimeo). RIBEIRO, D. C. D. Ferramentas de bioinformática: manipulação de sequências e recuperação de regiões franqueadoras de um alvo. IX Encontro Latino Americano de Iniciação Científica e V Encontro Latino Americano de Pós-Graduação. Universidade do Vale do Paraíba. **Anais...** 2005.
- SILVEIRA, L.; LIBRELOTTO, G. R. Aplicações de XML na bioinformática. **Disc. Scientia. Série: Ciências Naturais e Tecnológicas**, Santa Maria, v. 8, n. 1, p. 107-118, 2007.
- SILVEIRA, N. J. F. **Bioinformática estrutural aplicada ao estudo de proteínas alvo do genoma do *Mycobacterium tuberculosis***. São José do Rio Preto, 2005. Tese (doutorado). Universidade Estadual Paulista. Instituto de Biociências, Letras e Ciências Exatas. Disponível In: <http://prolina.df.ibilce.unesp.br/nelson/Tese.pdf>. Acesso 10 jun 2010.
- WIECZOREK, E. M.; LEAL, E. **Caminhos e tendências do uso de banco de dados em bioinformática** (2008) Disponível In: <http://www.wieczorek.com.br/publicacoes>. Acesso 20 jun 2010.

Recebido em 01/10/2013
Aceito em 15/11/2013