




Conselho de  
Informações sobre  
Biotecnologia

# biotech

INFORMAÇÃO CIENTÍFICA SOBRE BIOTECNOLOGIA

## TECNOLOGIA

# Bioinformática sai das academias científicas e vai para os laboratórios

 A ferramenta é eficiente nos casos em que a genotipagem se faz necessária, como em doenças genéticas, aids e hepatite C

**N**a esteira do Projeto Genoma Humano e dos avanços da genética, surgiram ferramentas informatizadas para acelerar o conhecimento da seqüência dos 3,2 bilhões de pares de bases desvendados e para construir um enorme banco de dados. As informações que até hoje estavam a serviço das comunidades científicas aos poucos passam a ficar disponíveis também para a sociedade. Ou seja, os métodos da biologia molecular vêm sendo transferidos para as análises clínicas. E isso tende a ocorrer em escala cada vez maior, no mundo inteiro.

“O panorama acontece naturalmente porque a questão atual não é mais seqüenciar, e, sim, analisar todos os dados obtidos”, assinala o médico Mauro Figueiredo, diretor de produtos do Fleury, laboratório que já se beneficia de softwares especialmente desenvolvidos para realizar suas análises. “A bioinformática, que apresentou grande desenvolvimento a partir dos projetos de seqüenciamento de genomas, está começando a fazer parte dos processos diagnósticos, principalmente nos casos em que a genotipagem se faz necessária, como nas doenças genéticas e infecciosas, entre elas HIV e hepatite C”, prossegue.

O pesquisador Georgios Joannis Pappas Júnior igualmente concorda que, com o genoma humano

seqüenciado e armazenado em bancos de dados públicos, está aberta uma perspectiva tremenda quanto à possibilidade de manipulação e extração dos dados genômicos. “Isso permite que os laboratórios de análises tenham um maior domínio das bases moleculares nos processos de diagnose, o que deverá melhorar ainda mais a acuidade dos exames”, avalia o cientista, que é Ph.D. em Biofísica e Bioinformática pela Universidade de Illinois (EUA) e, atualmente, membro do Laboratório de Bioinformática da Universidade Católica de Brasília (UCB).

Contudo, uma grande ressalva precisa ser feita, na opinião de Pappas Júnior. A utilização dos softwares requer, por parte do usuário, a capacidade de interpretar os resultados para processar corretamente as informações. “Existe uma tendência de as pessoas acreditarem cegamente nos dados computacionais, mas elas se esquecem de que, em alguns casos, os resultados são expressos por probabilidades de acerto”, alerta.



CACALO KFOURI

É verdade que as aplicações de bioinformática na medicina diagnóstica da rede médica privada são ainda muito incipientes. No setor público, ao contrário, algumas parcerias caminham há mais tempo. O Hospital do Câncer, por exemplo, utiliza os sistemas do Instituto Ludwig para seus trabalhos de diagnóstico e genotipagem. Mas, além do emprego da técnica no âmbito do câncer, a bioinformática já é conhecida pelos famosos testes de paternidade, nos quais, por meio do DNA, consegue-se identificar indivíduos e conhecer relações familiares com maior precisão que antigamente.

“Outras possibilidades de uso estão na genotipagem de agentes infecciosos, como a identificação exata da estirpe de vírus ou bactéria que infecta determinado paciente”, explica o pesquisador João Meidanis, diretor da Scylla, empresa de informática que desenvolve softwares para o setor médico. O empecilho principal para a difusão dessa ferramenta ainda está na parte financeira. “A tecnologia de DNA é bastante cara e o investimento só vale a pena se houver bom volume de análises clínicas”, pondera.



### VEJA MAIS

Conheça, nas páginas seguintes, a importância do bioinformata e dos novos softwares.

CACALO KFOURI



## SOFTWARE

# Mercado de tecnologia para análise genética está em expansão



O desenvolvimento de programas específicos para a bioinformática atravessa as fronteiras do universo acadêmico e ganha produção em escala comercial

CACALO KFOURI



De maneira geral, os pesquisadores que desenvolvem softwares para a bioinformática nas universidades detêm a propriedade intelectual dos produtos. No entanto, esses programas são gratuitamente liberados para usuários de instituições de pesquisa.

São os softwares que abrem as 'portas' do DNA aos pesquisadores, mostrando onde começam e terminam os genes, revelando sua função e a das proteínas e fazendo a comparação entre seqüências de diferentes organismos. Dada a importância da tecnologia nesse processo, além das universidades e dos institutos de pesquisa, o Brasil já começa a ter empresas especializadas na fabricação de tais programas.

É o caso da Scylla Bioinformatics, a primeira companhia brasileira voltada à produção de softwares para a bioinformática, criada pelo pesquisador João Meidanis, da Universidade Estadual de Campinas (Unicamp). "As pesquisas na área ainda estão muito concentradas no meio acadêmico", entende o diretor técnico da Scylla, Alexandre Barbosa. "Nosso objetivo é que esse conhecimento seja aplicado também no dia-a-dia das empresas". A Scylla atende hoje setores que podem se beneficiar dos dados gerados pelo Projeto Genoma, como os ligados à produção de papel e celulose e usinas de açúcar e álcool, entre outros.

Já as empresas privadas pagam pelos direitos autorais para a aquisição da ferramenta. Nos dois casos, os chamados softwares acadêmicos são mais flexíveis, pois permitem que o usuário altere o programa para adaptá-lo às necessidades específicas de cada estudo. Já os de uso unicamente comercial têm o código de acesso fechado, impedindo adaptações por parte de quem os emprega.

A maioria dos softwares utilizados atualmente nas pesquisas brasileiras que envolvem a bioinformática foi desenvolvida por pesquisadores de universidades. Contudo, a mudança no contexto de produção de tais programas de análise genética faz aumentar as expectativas de ampliação do comércio no setor. "No Brasil, ainda há o pensamento conservador de achar que o desenvolvimento desses softwares deve ficar restrito ao ambiente acadêmico", comenta Barbosa. "Mas o panorama começa a mudar porque é importante que o conhecimento adquirido esteja também nas empresas, porque é lá que ele se transforma em produtos que vão melhorar a vida das pessoas".

## BREVES



### Máquina superveloz

Em nome das pesquisas em bioinformática, o Instituto Riken, do Japão, tem hoje o supercomputador mais rápido do mundo. A máquina, que é baseada no sistema operacional Linux e utiliza computadores comuns, pode fazer um trilhão de operações por segundo. Segundo a empresa Fujitsu, que desenvolveu o equipamento, o novo computador tem velocidade sete vezes maior que os sistemas utilizados para sequenciamento genético. [http://www.cib.org.br/em\\_dia.php?id=560](http://www.cib.org.br/em_dia.php?id=560)



### Estação de trabalho

BioKnoppix é o nome do software livre de patentes criado pelo Centro de Bioinformática da Universidade de Porto Rico para dar suporte a ensaios em biologia molecular e genômica. Com essa ferramenta, o Linux consegue transformar até mesmo um computador tipicamente instalado com Microsoft Windows em uma estação de trabalho em bioinformática. [http://www.cib.org.br/em\\_dia.php?id=561](http://www.cib.org.br/em_dia.php?id=561)



### Método estatístico

Uma nova técnica estatística desenvolvida no Instituto de Tecnologia da Geórgia (EUA) poderá fornecer informações úteis a partir de uma amostra pequena de dados. O método, batizado de *wavestrapping*, se baseia nas *wavelets*, funções matemáticas que fazem reamostragem de dados, o que aumenta a confiabilidade das análises. O sistema terá aplicações em ciências geofísicas, bioinformática, imagens médicas e nanotecnologia, entre outras. [http://www.cib.org.br/em\\_dia.php?id=562](http://www.cib.org.br/em_dia.php?id=562)



Leia mais sobre estes assuntos:  
[www.cib.org.br](http://www.cib.org.br)



## FALE COM O CIB

Se você tem sugestões de temas a serem abordados nas próximas edições, entre em contato conosco. E-mail da redação: [faleconosco@cib.org.br](mailto:faleconosco@cib.org.br)  
Endereço: R. André Ampère, 34 - Unidade 12 - Brooklin Paulista - São Paulo - CEP: 04562-080

"IN SILICO"

# Software do Fleury faz análises instantâneas



Cada teste que se beneficia da bioinformática no laboratório fica 40% mais econômico

A utilização dos softwares direcionados à biologia permitirá aos pesquisadores a criação de ferramentas de diagnóstico mais precisas, com menos custos e – principalmente – para uma quantidade maior de casos. Existe até um novo conceito de pesquisa, que ficou conhecido como biologia *in silico*, ou seja, o uso de computadores para coletar, analisar e interpretar a informação biológica no âmbito molecular.

Especialistas do Laboratório Fleury desenvolveram e já estão aplicando um programa que dá ao biólogo uma análise instantânea de mais de 1,5 mil pares de bases genéticas. Há um ano, o processo precisava do trabalho de duas pessoas, que levavam uma hora e meia para cumprir a tarefa. “Em cada teste que passa a funcionar no novo modelo, que se utiliza da bioinformática, conseguimos uma economia de 40%”, conta o chefe do Laboratório de Bioinformática do Fleury, o médico Fernando Lopes Alberto. Como pesquisador da Universidade Estadual de Campinas (Unicamp), ele próprio participou do Projeto Genoma Humano e, portanto, tem mais motivos para comemorar a conquista. “O papel da ciência é prestar contas para a sociedade que a financia”, analisa. “Quando possível, o conhecimento gerado na academia deve produzir benefícios na forma de projetos aplicáveis”.

Com essa evolução, os médicos já empregam a informação genética para diagnosticar e tratar os portadores de praticamente todas as doenças causadas por alterações nos genes. Milhares de seqüências novas são depositadas em



CACALO KFOURI

Software do Fleury faz de forma imediata a análise de 1,5 mil pares de bases genéticas



enormes bases de dados, oriundas dos seqüenciadores automáticos nos diferentes Projetos Genoma. Pela internet, isso pode ser feito num piscar de olhos em sites científicos do Brasil e do mundo. E não só os pares de bases estão sempre se atualizando. Novos tipos de informações biológicas têm surgido, como os *microarrays* para análise de expressão gênica e identificação de padrões genéticos, a visualização gráfica de dados biológicos, as redes de interações protéicas e até o relacionamento com genes de outras espécies (genes homólogos e organização cromossômica). “Daqui para frente, vai ser impossível separar as tecnologias de análises laboratoriais em genômica das ferramentas computacionais para análise *in silico*”, acredita Alberto.

Do lado de dentro do laboratório, os biólogos conseguem qualidade uniforme e homogênea dos laudos. Na prática, passam cada vez mais tempo no computador, que se torna peça fundamental de seu trabalho. Aí está a primeira vantagem da migração academia-análise clínica, na avaliação do médico do Fleury. “Os profissionais ficam mais livres para pensar e atuar nas demais etapas do processo porque a análise genética manual cede lugar à automatizada”, sustenta Alberto. Essa mudança garante benefícios para a área médica, a exemplo do ganho de escala nos processos laboratoriais, da otimização do tempo de trabalho dos funcionários e da possibilidade de ter um banco de dados próprio.



SAIBA MAIS

[www.fleury.com.br](http://www.fleury.com.br)


FALE COM O CIB

Se você tem sugestões de temas a serem abordados nas próximas edições, entre em contato conosco. E-mail da redação: [faleconosco@cib.org.br](mailto:faleconosco@cib.org.br)  
Endereço: R. André Ampère, 34 - Unidade 12 - Brooklin Paulista - São Paulo - CEP: 04562-080

## BIOINFORMATICA

# O biólogo das telas de computador



A ciência que tornou possível o seqüenciamento de genomas e a decodificação do DNA deu origem também a um novo profissional, o bioinformata

No Brasil, a bioinformática foi utilizada de maneira sistemática e em larga escala pela primeira vez em 1997, no projeto de seqüenciamento do genoma da bactéria *Xylella fastidiosa*, causadora da doença do amarelinho nos laranjais. Na época, foram investidos cerca de US\$ 13 milhões na montagem de 36 laboratórios.

Embora seja relativamente recente, essa ciência ganha cada vez mais força no Brasil, fato comprovado pelo aumento de congressos dedicados ao assunto, pelo surgimento de cursos específicos para a área e de empresas especializadas na produção de softwares e, sobretudo, pelo crescente número de pessoas que optam pela carreira de bioinformata, resultante da união entre a tecnologia da informação e as ciências biológicas.

Esse novo profissional é responsável por prover soluções de informática para biólogos, o que requer conhecimento profundo das duas áreas. Ou seja, o bioinformata precisa ter familiaridade com os princípios e técnicas laboratoriais da biologia molecular, além de domínio da ciência da computação. “É uma profissão muito nova, mas extremamente promissora”, atesta o coordenador de



bioinformática do Fleury, Fernando Lopes Alberto, que também é responsável pela Seção de Biologia Molecular do laboratório.

Há dois tipos de bioinformata, segundo o pesquisador da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Cenargen), Felipe Rodrigues da Silva: o que cria sistemas e programas e o que utiliza os recursos da bioinformática. “Na Embrapa, os bioinformatas passam 95% do tempo na frente do computador, mas, além de trabalharmos com as ferramentas, desenvolvemos alguns softwares para utilizarmos em nossas pesquisas”, diz ele, que trabalhou no primeiro Projeto Genoma brasileiro.

O surgimento da figura dessa categoria de profissional no País decorre diretamente do apoio de

instituições de fomento à ciência, como a Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (Fapesp), que financiou e coordenou a execução do mesmo Projeto Genoma. “Quando se trata de análise genômica, o Brasil fala de igual para igual com o Primeiro Mundo”, orgulha-se Silva.

Tanto é assim que o mercado de trabalho para o bioinformata é bastante amplo. A profissão permite que o pesquisador atue em laboratórios farmacêuticos ou de análises clínicas, tanto na área humana quanto na veterinária, envolvido em pesquisas genéticas ou na descoberta de novas curas e tratamentos, assim como nos grandes centros universitários. Um dos campos bastante promissores para os brasileiros é o do agronegócio, especialmente em pesquisas que possibilitem a descoberta de soluções para evitar doenças ou genes resistentes, causadores de malformação ou degeneração animal ou vegetal. “Trabalhamos hoje na Embrapa para termos o nosso portfólio de genes”, revela o pesquisador. “Do contrário, em dez anos estaríamos fora do agronegócio”.

No Brasil, existem dois cursos de pós-graduação em Bioinformática, em nível de mestrado e doutorado, aprovados pelo Ministério da Educação. Um deles é oferecido pela USP de São Carlos e o outro, pela Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG). Já o Laboratório Nacional de Computação Científica (LNCC) mantém uma opção de especialização lato sensu na área.



sobre biotecnologia e seus benefícios, aumentando a familiaridade de todos os setores da sociedade com o tema. É meta do CIB, também, estabelecer-se como fonte de informações para jornalistas, pesquisadores, empresas e instituições interessadas em biotecnologia. Para tanto, possui um grupo de conselheiros, formado por cientistas e especialistas de diversas áreas de atuação.

• Veja mais informações no nosso site: [www.cib.org.br](http://www.cib.org.br)

O CIB é uma organização não-governamental e uma associação civil sem fins lucrativos e sem nenhuma conotação político-partidária ou ideológica. Seu objetivo é divulgar informações técnico-científicas

[www.cib.org.br](http://www.cib.org.br)



<b>Coordenação geral</b>	Eugênio Araujo
<b>Editor executivo</b>	Antonio Celso Villari
<b>Editor médico</b>	Dr. Paulo Augusto de Almeida Junqueira
<b>Conselho editorial</b>	Felipe Rodrigues da Silva (Embrapa) Fernando Lopes Alberto (Fleury)
<b>Colaboradores</b>	Débora Marques Guilherme Sierra Tatiana Engelbrecht
<b>Gerência Técnica</b>	Vinicius Carvalho
<b>Fotografia / coordenação</b>	Cacalo Kfourri
<b>Designer gráfico</b>	Sérgio Brito
<b>Apoio operacional</b>	Jacqueline Ambrósio