

## Revista Saúde.Com

ISSN 1809-0761

www.uesb.br/revista/rsc/ojs

## WORKSHOP DE BIOINFORMÁTICA: RELATO DE EXPERIÊNCIA

## BIOINFORMATICS WORKSHOP: EXPERIENCE REPORT

Anderson Alves da Silva Bezerra, Ketly Rodrigues Barbosa dos Anjos, Débora Priscila Lima de Oliveira, Ana Paula da Fonseca Arcoverde Cabral de Mello, Ana Lisa do Vale Gomes

Universidade Federal de Pernambuco - UFPE

## Abstract

*The volume and relevance of research involving genome sequencing has consolidated the role of bioinformatics as an exponential tool for health, but this knowledge is still based in large research centers. The 1<sup>st</sup> Bioinformatics Workshop of the Academic Center of Vitória, Federal University of Pernambuco, was conducted by Bioinformatics Studies Group (GEBIOINFO), and aimed to popularize bioinformatics among the local academic community. The article reports on the experience of the event, describing the processes of dissemination of knowledge about Bioinformatics, in some of its various aspects, from lectures that dealt with the themes: Large Scale Sequencing of Mosquito-Transmitted Viruses, Effects of Human Variability Faced with Infectious Diseases, Molecular Biology of Antibiotic Resistant Bacteria, and also of practical activities, with the theme "Bioinformatics Applied to Mounting and Annotations of Genomes". The event had an innovative character for the local academic community, where most of the students evidenced not knowing the area, but from the workshop, built a good perspective in relation to it. Another important contribution of the event was the construction of a communication network between the participants and the speakers in order to resolve doubts and also offer contact for future cooperation and collaboration in research involving Bioinformatics.*

**Key words:** Computational Biology; Databases; Nucleic Acid; Genome.

## Resumo

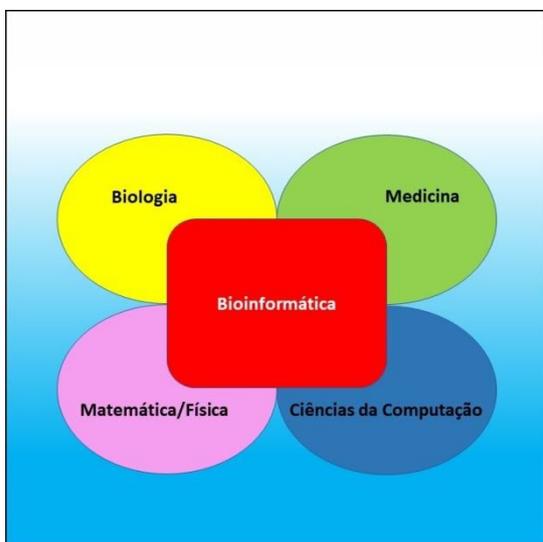
*O volume e a relevância das pesquisas envolvendo sequenciamento de genomas, consolidou a atuação da bioinformática como ferramenta exponencial para a área da saúde, porém, este conhecimento ainda está nucleado em grandes centros de pesquisa. O I Workshop de Bioinformática do Centro Acadêmico de Vitória, Universidade Federal de Pernambuco, foi realizado pelo GEBIOINFO – Grupo de Estudos em Bioinformática do CAV, e objetivou a popularização da bioinformática entre a comunidade acadêmica local. O artigo realiza um relato de experiência do evento, descrevendo os processos de disseminação de conhecimentos sobre Bioinformática, em algumas das suas várias vertentes, a partir de palestras que abordaram os temas: Sequenciamento em Larga Escala de Vírus Transmitidos por Mosquitos, Efeitos da Variabilidade Humana Frente a Doenças Infeciosas, Biologia Molecular de Bactérias Resistentes a Antibióticos, e também de atividades práticas, com o tema "Bioinformática Aplicada à Montagem e Anotações de Genomas". O evento teve caráter inovador para a comunidade acadêmica local, onde a maior parte dos estudantes evidenciou não conhecer a área, mas a partir do workshop, construiu uma boa perspectiva em relação a ela. Outra importante contribuição do evento foi a construção de uma rede de comunicação entre os participantes e os palestrantes com o intuito de sanar dúvidas e oferecer também contato para futuras cooperação e colaboração em pesquisas envolvendo a Bioinformática.*

**Palavras chave:** Biologia Computacional; Bases de Dados de Ácidos Nucleicos; Genoma.

## Introdução

A Bioinformática apresenta uma natureza interdisciplinar, necessitando associar conhecimentos advindos de várias áreas distintas, tais como: Ciências Biológicas, Ciências da computação, Matemática, Física, Medicina e afins<sup>1</sup> (FIGURA 1), cujo objetivo é oferecer ferramentas computacionais capazes de adquirir, armazenar, organizar, arquivar, analisar e visualizar um grande volume de dados (sequências de biomoléculas ou estrutura de biomoléculas) gerados a partir de experimentos que envolvem majoritariamente a biologia molecular<sup>2,4</sup>.

**Figura 1.** Áreas que contribuem para a formação da Bioinformática. Adaptação da Fonte: Bayat A.



A característica interdisciplinar da área expõe uma necessidade que é, muitas vezes, limitadora, nota-se a falta de disseminação de conhecimentos voltados a área, com enfoque maior dado aos estados da região norte e nordeste do país, com exceção das pós-graduações<sup>3</sup>.

A rápida evolução tecnológica envolvendo equipamentos e softwares para a realização de análises de biomoléculas exige que os resultados sejam os mais eficazes e rápidos possíveis, e isso só se torna capaz com o uso da Bioinformática<sup>2,3,4</sup>.

A bioinformática apresenta uma gama de possíveis atuações voltadas para análise e interpretação de biomoléculas, algumas das possibilidades são: análise de similaridade de sequências nucleotídicas, criação de árvores filogenéticas, predição de enovelamento de estrutura quaternária de proteínas, identificação de polimorfismo de nucleotídeo único (SNP), análise de expressão gênica<sup>5,6</sup>.

Atualmente existem poucos relatos de experiência relacionados a eventos teórico-práticos abordando a bioinformática, o que enfatiza a importância do incentivo à produção de artigos sobre a experiência dos eventos de bioinformática, para assim colaborar com os futuros eventos acadêmicos com as dificuldades e soluções encontradas.

Esse relato tem como propósito ampliar a divulgação da Bioinformática e estimular que outros centros/campus, principalmente do interior, e grupos de pesquisa e/ou extensão promovam essa interação de discentes com esta área de atuação, promovendo um maior envolvimento por conta da importância da temática nos tempos atuais e assim capacitando mais pessoas na comunidade acadêmica.

## Metodologia

O presente artigo trata-se de um relato de experiência com modalidade descritivo-reflexiva, vivenciado com a promoção do evento: Workshop de Bioinformática, tal evento foi organizado pelo um Grupo de Estudos em Bioinformática (GEBIOINFO) da Universidade Federal de Pernambuco (UFPE) no Centro Acadêmico de Vitória (CAV), localizado na cidade de Vitória de Santo Antão, Pernambuco, Brasil. O evento aconteceu no final de 2017, no laboratório de informática do CAV/ UFPE.

A equipe técnico-científica envolvida no evento teve a participação de pesquisadores da Fundação Oswaldo Cruz (FIOCRUZ): Instituto Aggeu Magalhães, em colaboração com uma docente e alguns discentes da Universidade Federal de Pernambuco.

A iniciativa foi executada com entrada franca, e foi realizado em um único dia, com carga horária total de 8 horas, 4 horas teóricas e 4 horas práticas e contou com a presença de 23 participantes (estudantes de graduação, técnicos, mestrandos e doutorandos de diversas instituições de Pernambuco).

O evento teve, em sua fase teórica, palestras envolvendo os seguintes tópicos: Sequenciamento em Larga Escala de Vírus Transmitidos por Mosquitos, Efeitos da Variabilidade Humana Frente a Doenças Infeciosas, Biologia Molecular de Bactérias Resistentes a Antibióticos, e uma oficina prática de Bioinformática Aplicada à Montagem e Anotações de Genomas.

As atividades práticas desenvolvidas foram realizadas na Plataforma Galaxy versão 17.09<sup>7</sup>, utilizando os aplicativos que nela continuam,

como por exemplo: Bowtie2, HISAT2, Histogram e GetFastaBed. Todos os estudantes puderam, seguindo as orientações de um bioinformata (definição segundo Vincent<sup>8</sup>, especialista ou profissional que se utiliza ou desenvolve ferramentas computacionais), reconhecer, editar e montar um fragmento genômico a partir de dados brutos reais de sequenciamento de segunda geração de pesquisas já realizadas anteriormente na FIOCRUZ.

## Resultados e Discussões

A utilização de análises manuais de sequências de DNA através de placas de eletroforese se tornaram obsoletas com o surgimento de sequenciadores capilares de larga escala no fim da década de 90, possibilitando o rápido desenvolvimento de sequências de DNA e ampliando as possibilidades de estudo da genômica e transcriptômica. Com o lançamento do ABI Prism, um equipamento que permitia o sequenciamento de até 1 milhão de pares de base, aumentou exponencialmente os dados genômicos, necessitando de uma ciência que facilitasse a análise e interpretação dos grandes dados obtidos, a bioinformática<sup>9</sup>.

O resgate histórico sobre os tipos de sequenciamento de dados biológicos até o sequenciamento de segunda geração de larga escala fundamenta o ouvinte sobre a evolução dos estudos biológicos e a praticidade dos dias atuais na análise desses dados, pois o acesso ao GenBank pode ser realizado utilizando apenas um computador com internet e plataformas online. Tal retrospectiva foi abordada na primeira apresentação que abriu o evento, além de destacar a viabilidade de grupos de Bioinformática principalmente quando não há recursos para laboratórios de pesquisas básicas, situação muito comum em centros universitários do interior. Apresentou ainda, resultados em andamento que apontam um novo vetor para o arbovírus da Zika e as possíveis implicações frente esse resultado.

A segunda palestra mostrou a interface de interação entre os microbiologistas e bioinformatas, demonstrando a necessidade da busca pelo entendimento da variabilidade de doenças infectocontagiosas. Estudo dos SNPs, caracterização da população humana e associações entre informações genéticas e infecções são alvo das pesquisas desenvolvidas pelo palestrante e exemplificadas no evento realizado. Um estudo semelhante foi realizado por Martins<sup>10</sup>, onde encontrou relações entre polimorfismos do gene IL-28B e a eficiência da

terapia com interferon peguado e ribavirina em pacientes com Hepatite C crônica.

A terceira apresentação estabeleceu a direta necessidade do melhor entendimento e colaborações entre aos biólogos moleculares e os bioinformatas, destacando a real necessidade das ferramentas de estudos *in silico* para entender e identificar microrganismos resistentes a antibióticos na clínica e suas alterações genômicas.

Esta experiência proporcionou, conhecer as etapas e equipamentos necessários para o sequenciamento de moléculas biológicas, como também obter conhecimento acentuado sobre a estrutura viral da Zika e potenciais alterações na estrutura molecular de novos vetores que conseguem transmitir o vírus. Promoveu a visualização de alterações de um único nucleotídeo do genoma de humanos e sua relação com o aumento da susceptibilidade de infecções em humanos. A terceira apresentação demonstrou a necessidade do uso de ferramentas computacionais para identificar resistência a fármacos em diversos microrganismos de importância clínica.

A deficiência na disseminação de conhecimento na área é um problema evitável, e exatamente diante desse cenário que o grupo de pesquisa do Centro Acadêmico de Vitória GEBIOINFO promoveu o 1º Workshop de Bioinformática com o objetivo de apresentar a temática na comunidade do campus, além de um importante momento de relacionamento entre os pesquisadores de alto escalão do conhecimento científico e discentes do evento que apresentassem afinidade com o tema proposto. Destaca-se a relevância do evento na possibilidade de interiorização do conhecimento e do alto nível da discussão.

Outra experiência também foi relatada por Rosa<sup>11</sup>, onde alunos do ensino médio foram abordados com o tema tiveram dificuldades com os termos e simbologia utilizados, um segundo ponto negativo evidenciado na vivência foi a língua inglesa, mas apesar das dificuldades a atividade proposta foi realizada com êxito.

## Conclusões

Por acreditar na importância da pesquisa e na força das colaborações de cunho científico, o evento se lança como um projeto de interação e propagação de conhecimento ousado para um campus de interior, no entanto, vibrante pela receptividade dos participantes do evento em se interessarem pelo tema proposto, muitos evidenciaram não conhecer a área, mas tiveram

uma perspectiva muito boa em relação a ela, houve também uma rede de comunicação entre os participantes e os palestrantes com o intuito de sanar dúvidas e oferecer também contato para uma futura cooperação em pesquisas.

Evidencia-se algumas limitações metodológicas encontradas relacionadas a área, tais como: a falta de disseminação, inclusive no campus de interiorização das Universidades, a língua inglesa que é o ponto de comunicação entre os bancos de dados/software utilizados e o pesquisador, a língua e simbologia específica da área que é um fator negativo muito forte que também induz a falta de interesse, e o evento se mostra como um potencial resolutivo das barreiras supracitadas.

A bioinformática, por ser uma esfera tecnológica que evoluiu nos últimos anos e continua evoluindo, é e se tornará ainda mais essencial em pesquisas moleculares voltadas as ciências da vida<sup>12</sup>, o que se faz necessário provocar graduandos e profissionais de diversas áreas, inclusive na área da saúde<sup>13</sup> quanto a importância desse assunto para o futuro da pesquisa científica de ponta.

O evento, como dito anteriormente, ocorreu em 2017, mas aconteceu em 2018 o II Workshop de Bioinformática com adaptação ao formato, mas, continua a promover a interação na área e divulgar a característica interdisciplinar da Bioinformática.

## Referências

1. Bayat A. Science, medicine, and the future: Bioinformatics. *BMJ*. 2002 Apr 27; 324(7344): 1018-22. doi: <https://doi.org/10.1136/bmj.324.7344.1018>.
2. Verli H. Bioinformática: da Biologia à Flexibilidade Molecular. 1st Ed. São Paulo: SBBq; 2014.
3. Ribeiro Junior HL, et al. Abordagem Prática de Bioinformática em Evento Acadêmico-Científico na Cidade de Fortaleza-CE. *R. B. E. C. T.* 2011 jan/apr; 4(1): 79:91. doi: 10.3895/S1982-873X2011000100005.
4. Chicurel M. Bioinformatics: Bringing it all together technology feature. *Nature*. 2002 Oct 17; 419:751-757. doi: <https://doi.org/10.1038/419751a>.
5. Oliva G. Bioinformática: Perspectivas na Medicina. *Gazeta Médica da Bahia*. 2008; 78(Suplemento 1): 52-58.
6. Luscombe NM, Greenbaum D, Gerstein M. What is bioinformatics? A proposed definition and overview of the field. *Method Inform Med* 2001; 40: 346-58.
7. Afgan E, et al. The Galaxy platform for accessible, reproducible and collaborative biomedical analyses: 2018 update. *Nucleic Acids Research*. 2018 July; 46(W1): W537-W544. doi:10.1093/nar/gky379.
8. Vincent AT, Charette SJ. Who qualifies to be a bioinformatician? *Front. Genet*. 2015 Apr 24; 6:164. doi: 10.3389/fgene.2015.00164
9. Santos FPC. Introdução á Bioinformática. Biotecnologia, Ciência e Desenvolvimento. Brasília, 2010. Acesso em 01 Mai, 2019. Disponível em < [http://www.iq.usp.br/setubal/bmc/2015/FProsdocimi07\\_CursoBioinfo.pdf](http://www.iq.usp.br/setubal/bmc/2015/FProsdocimi07_CursoBioinfo.pdf) >.
10. Martins LLCP. Influência dos polimorfismos do gene IL-28 na resposta a terapia com interferon peguulado e ribavirina em pacientes com Hepatite C crônica [Dissertação]. Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo. Programa de Doenças Infecciosas e Parasitárias. São Paulo, 2014. Acesso em 01 Mai, 2019. Disponível em < <http://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/5/5134/tde-01122014-111829/publico/LucianeLilianCristinaPatricioMartins.pdf> >.
11. Rosa RTN. Do gene à proteína: Explorando o GenBank com alunos do ensino médio [TESE]. Santa Maria: Centro de Ciências Naturais e Exatas, Universidade Federal de Santa Maria; 2011.
12. Molitor R, Sturn A, Maurer M, Trajanoski Z. New trends in bioinformatics: from genome sequence to personalized medicine. *Experimental Gerontology*. 2003 Oct; 38(10): 1031-1036. doi:10.1016/S0531-5565(03)00168-2.
13. Araújo ND, et al. A Era da Bioinformática: seu Potencial e suas Implicações para as Ciências da Saúde. *Estud Biol*. 2008 jan/dez; 30(70/71/72): 143-8. doi: <http://dx.doi.org/10.7213/reb.v30i70/72.22819>.

## Endereço para Correspondência

Universidade Federal de Pernambuco - UFPE

Av. Prof. Moraes Rego, 1235 – Cidade Universitária - Recife/PE

CEP.: 50670-901

e-mail: andersonalves19971@hotmail.com

Recebido em 17/12/2018

Aprovado em 02/05/2019

Publicado em 13/08/2019