

Bioinformática e Ciência de Dados para Biomedicina

Alejandro Fonseca Duarte^{1,3}, Izabele Rocha Cerioli^{2,3}

¹Centro de Ciências da Natureza, Universidade Federal do Acre - Ufac, Rio Branco, Acre

²Laboratório Carlos Chagas, Rio Branco, Acre

³Centro Universitário Leonardo da Vinci, Uniasselvi – Biomedicina, TURMA 1815640, TCC, 11/11/2022

RESUMO

Transcorridos mais de sessenta anos do nascimento do curso de Biomedicina no Brasil, observa-se ainda o desafio que representa integrar, com todas suas potencialidades, o desenvolvimento da pesquisa científica e tecnológica no âmbito do setor saúde. No presente trabalho evidencia-se que, embora a existência de mais de trinta habilitações em biomedicina, só duas, análises clínicas e estética, na prática dirigidas à prestação de serviços técnicos, preponderam; sendo que todas as áreas de habilitação apresentam uma extraordinária importância na procura de conhecimentos para contribuir à solução de problemas relacionados com a vida, a sociedade e a natureza. Através de uma revisão da literatura sobre bioinformática e genética para a medicina de precisão observa-se os amplos horizontes que deveriam ser objeto de estudo e preparação de biomédicos. Mediante a criação e utilização de grandes bancos de dados sobre poluição do ar se exemplifica a possibilidade de incursionar na ciência de dados em benefício da saúde pública.

Palavras-chave: Educação e Saúde, Pesquisas biomédicas, Graduação em Biomedicina

ABSTRACT

More than sixty years after the birth of the Biomedicine course in Brazil, the challenge of significative integration and development of scientific and technological research in the health sector is yet to happen. In the present work it is evidenced that, although the existence of more than thirty qualifications in biomedicine, only clinical analyses and aesthetics prevail in practice aimed at the provision of technical services; no matter all areas of qualification are of extraordinary importance in the search for knowledge to contribute to the solution of problems related to life, society, and nature. Through a review of the literature on bioinformatics and genetics for precision medicine, the broad horizons that should be the object of study and preparation of biomedical professionals are shown, and through the creation and use of big databases on air pollution, the possibility of using data science is exemplified for the benefit of public health.

Keywords: Education and Health, Biomedical research, Bachelor's Degree in Biomedicine

1. INTRODUÇÃO

A íntima relação entre os avanços tecnológicos, as ciências teóricas e experimentais, suas aplicações em diferentes áreas de conhecimento concebidas na mais ampla relação interdisciplinar, a modificação dos currículos acadêmicos no aperfeiçoamento da formação de especialistas em correspondência com as possibilidades abertas pelo desenvolvimento social e econômico fazem com que os problemas emergentes encontrem soluções fundamentadas em novos modelos e atualizações. No caso das ciências da saúde tais evidências são recorrentes e inclusive revolucionárias; surpreendem a sociedade com notícias, que expõem realizações inimagináveis em apenas uma década. É o caso da Biologia molecular, a Bioinformática, a Ciência da Computação, o aumento da velocidade e da capacidade na manipulação de grandes bancos de dados (Big Data e Data Science) como fundamentos necessários para lidar com o sequenciamento genético e o estudo de mutações genéticas, por exemplo.

Quando se observa que há cinquenta anos os sonhos de realizações não contavam com computadores pessoais e softwares altamente capazes no processamento de dados e, era ficção o sequenciamento genético (GAUTHIER; VINCENT; CHARETTE *et al.*, 2018), sem dúvidas se reconhece o alcance dos resultados obtidos, o que por sua vez, serve de

base para desenvolvimentos acelerados em matéria tão importante como é a saúde humana, exemplo disso, a identificação de novas variantes do SARS-CoV-2, nos momentos atuais de pandemia (CHEN; NADEAU; YARED *et al.*, 2021).

Mesmo com tais conquistas, resulta surpreendente e admirável que o conhecimento seja inesgotável, tal qual as materialidades que ele representa. Dos elementos químicos da natureza só um, o carbono, se associa, praticamente, com todas as formas de vida. O carbono manifesta a capacidade de estabelecer ligações covalentes C – C estáveis, capazes de se prolongar em cadeias de dimensões idealmente ilimitadas. A presença de outros elementos químicos aumenta ainda mais a complexidade dos sistemas orgânicos em particular no que concerne à vida. No topo da complexidade está a vida humana com mais de cem mil tipos diferentes de moléculas presentes em cada indivíduo, sendo que apenas umas quantas têm sido caracterizadas completamente em atenção à composição e às propriedades. Carbono, hidrogênio, oxigênio, nitrogênio, fósforo e enxofre estão presentes nos organismos vivos em quantidades muito expressivas, já elementos tais como Cálcio, Potássio, Sódio, Cloro, Magnésio, Ferro, Cobre, Cobalto, Iodo, Zinco, Flúor e outros, presentes em poucas quantidades relativas, são componentes importantes no funcionamento das células. Os aminoácidos são unidades que se repetem na estruturação das proteínas; os nucleotídeos na estruturação dos ácidos nucleicos DNA e RNA; assim como os sacarídeos na estruturação dos polissacarídeos; e os lipídeos na estruturação dos ácidos graxos (SATYANARAYANA; CHAKRAPANI, 2013).

Os organismos vivos compõem-se de membranas, organelas, células, tecidos e órgãos, envolvidos numa dinâmica de constantes movimentos e interações internas (que acontecem nos próprios organismos) e outras interações entre as suas partes e o ambiente externo. Embora os organismos procariontes sejam de uma menor complexidade estrutural e funcional, se comparados com os eucariontes, a sua estrutura também é complexa e, dos pontos de vista evolutivo e causador de doenças, a ciência se debruça em descobrir relações de heranças e influências entre eles (SALZBERG; WHITE; PETERSON *et al.*, 2001).

Em 1953 foi descoberta a estrutura de dupla hélice do DNA, em 1966 foi decifrado o código genético e em 1991 chegou a ser desenvolvido o primeiro método de sequenciamento genético. Só por volta de 2011 iniciou-se a contribuição interdisciplinar da computação na esfera da Biologia, juntamente com as Matemáticas, a Estatística, a Química, a Física, diferentes tecnologias de imagens e aplicações em diagnóstico e terapia; se inaugurava assim, a ciência da Bioinformática, com os seguintes campos gerais de atuação: organização e acesso a dados e informações biológicas (DNA, RNA, sequenciamento de proteínas e imagens de micro arranjos); desenvolvimento de metodologias e recursos informáticos para análises e gestão dos dados; análise, interpretação e aplicações na indústria farmacêutica e outras áreas da medicina, em particular a genética e a oncologia; e mais, se passava da investigação de genomas, transcriptomas e metabolomas individuais, para a investigação de organismos vivos inteiros, em seus ambientes, mediante modelagem computacional, com todas as características moleculares consideradas simultaneamente (CHOWDHARY; RANI; PARKASH *et al.*, 2016; GAUTHIER; VINCENT; CHARETTE *et al.*, 2018).

No Brasil o início da Bioinformática se relaciona com a agricultura (GERAQUE, 2003; SIMPSON; REINACH; ARRUDA *et al.*, 2000), através da montagem do genoma da bactéria *Xylella fastidiosa*, responsável pela praga Clorose Variegada dos Citros (CVC) nas plantações de laranja (NEOPROSPECTA, 2022); nesta mesma fonte também se menciona a participação do Instituto Ludwig no mapeamento do genoma humano. Por outro lado, a Universidade de Caxias do Sul tem publicado trabalhos em Bioinformática

nos temas de “análise de sequências promotoras bacterianas, montagem e anotação de genomas de fungos e desenvolvimento de softwares de integração” na sua Revista Interdisciplinar de Ciência Aplicada (ABREU; CASA; OLIVEIRA *et al.*, 2021).

Espera-se progressos nas atividades relativas a essas iniciativas, mas a ciência brasileira está atualmente em situação precária, em combate contra o negacionismo e as notícias falsas, que se manifestaram insistentemente ao longo da pandemia de COVID-19.

Cabe destacar que o Brasil conta com um laboratório de referência de sequenciamento Genômico de SARS-CoV-2 credenciado pela Organização Pan-americana da Saúde (OPAS) como parte da sua Rede Regional de Vigilância:

A estrutura da rede inclui uma combinação de países com capacidade de sequenciamento interno e aqueles que enviam para sequenciamento externo a um dos dois Laboratórios Regionais de Sequenciamento (Fundação Oswaldo Cruz/FIOCRUZ - Brasil e Instituto de Saúde Pública/ISPCH-Chile). Além disso, treinamentos regionais e nacionais e ações adicionais de suporte para gerar informações oportunas sobre dados de sequenciamento genômico do SARS-CoV-2 estão disponíveis por meio da rede. A OPAS incentiva os laboratórios a sequenciar amostras positivas de COVID-19 e compartilhar informações genéticas oportunamente através da plataforma GISAIID (do inglês, Global Initiative on Sharing All Influenza Data). A participação na Rede Regional de Vigilância Genômica COVID-19 é aberta a todos os países das Américas por meio dos Laboratórios Nacionais de Saúde Pública. A Rede Regional de Vigilância Genômica de COVID-19 foi criada em 2020, não apenas como um mecanismo para fortalecer a capacidade de sequenciamento dos laboratórios participantes, mas também para incentivar os países a implementarem a vigilância genômica de forma rotineira, como estratégia para aumentar a quantidade de dados de sequenciamento disponíveis globalmente para apoiar o desenvolvimento de protocolos diagnósticos, gerar informações para o desenvolvimento de vacinas e entender melhor a evolução molecular e os padrões epidemiológicos do SARS-CoV-2 (OPAS, 2022).

Outros dois laboratórios brasileiros participam na rede regional na categoria de Laboratórios de Sequenciamento no País: Instituto Adolfo Lutz, São Paulo e Instituto Evandro Chagas, Pará.

Estudos teóricos e experimentais em Bioinformática são realizados em seres humanos, plantas e outros organismos (LI; ZHANG; GAO *et al.*, 2019; SALZBERG; WHITE; PETERSON *et al.*, 2001) e envolvem temáticas como: produção e análise de grandes quantidades de dados (Big Data), imagens (HARRIS; MCKINLEY; ROLAND *et al.*, 2022) e sinais; sequenciamento, identificação e comparação de dados genéticos, genômicos e mutações (CHOWDHARY; RANI; PARKASH *et al.*, 2016); expressão e regulação de genes e proteínas; e simulação e modelagem de DNA, RNA, proteínas e biomoléculas (BONFIELD, 2022; BREZOVSKY; THIRUNAVUKARASU; SURPETA *et al.*, 2021).

Por exemplo, a previsão de doenças baseada em um microbioma existente depende da capacidade dos métodos de aprendizado de máquina para distinguir uma situação de doença. A natureza estatística dos dados do microbioma e a falta de compreensão das interações microbianas que poderiam indicar a doença dificultam a diferenciação. Embora estas dificuldades, se faz possível identificar subestruturas de rede características da microbiota do câncer, em particular no caso colorretal (XU; NASH; ACHARJEE *et al.*, 2022), câncer de mama (NGUYEN; NGUYEN; LE, 2022; ZHAO; YAN; YAN *et al.*, 2022) e outros tipos de câncer (JABLONSKI; PIRKL; CEVID *et al.*, 2021; OZCAN; LUCAS; WONG *et al.*, 2022). O reconhecimento de padrões estruturais em sequências muito longas de proteínas tem permitido identificar proteínas de dengue associadas a casos severos da doença (SOUZA; COLONNA; COMODARO *et al.*, 2022). Trabalhos como os anteriormente mencionados empregam métodos de modelagem e inferência (HOHLER; PFEIFFER; IOANNIDIS *et al.*, 2021).

Neste contexto, uma visão panorâmica da Bioinformática poderia (1) beneficiar a reflexão sobre formação do biomédico no atual momento de grandes transformações das tecnologias da informação ao serviço da saúde. Em consequência: (1) propor uma adaptação dos currículos dos cursos de Biomedicina no sentido de (2) integrar conteúdos de Bioinformática nas diferentes disciplinas ou em uma disciplina a esse fim, (3) oportunizar mais ainda o estudo colaborativo entre os estudantes, (4) promover a consulta e preparação teórica a partir de livros clássicos das diferentes temáticas, (5) promover um ensino e uma avaliação da aprendizagem não mecânica e (6) continuar o aperfeiçoamento no desenvolvimento de habilidades experimentais.

Estes propósitos requerem uma reflexão que pode vir fundamentada em informações, em dados que poderiam ser gerados em redes de laboratórios, clínicas, hospitais e demais estabelecimentos de saúde, em dados relacionados com instituições ligadas à justiça, em dados ambientais monitorados por universidades e institutos de pesquisa, por dados gerados por indivíduos através da Ciência Cidadã para fins da saúde coletiva e a medicina de precisão.

Nessa ampla perspectiva, as habilitações em biomedicina seriam mais equitativamente requeridas, dada a sua importância para a medicina, a sociedade e a vida; e o biomédico, no Brasil, avançaria de ser um técnico adjuvante (SEREJO, 2018) para ser um profissional em Ciências Biomédicas atuante verdadeiramente em assistência, pesquisa, inovação e desenvolvimento, na área da Saúde, na área da Ciência da Vida e da Terra, incluindo as tecnologias de procedimentos, mecanismos, informação, dados e comunicação, como acontece já em outros países. Por exemplo,

-na Inglaterra:

A ciência biomédica é ... usada em laboratórios de saúde para identificar, pesquisar, monitorar e tratar doenças ... uma das áreas mais amplas da ciência moderna, concentra-se na complexidade do corpo humano e sustenta grande parte da medicina moderna.¹

-nos Estados Unidos:

A ciência biomédica refere-se a um conjunto de ciências que visam desenvolver novas terapias, tratamentos e tecnologias que podem ajudar no gerenciamento de doenças, enfermidades e deficiências. As várias categorias que se enquadram no termo genérico da ciência biomédica incluem epidemiologia clínica, microbiologia médica e engenharia biomédica.²

2. METODOLOGIA

Foi realizada uma revisão da literatura sobre atuações em biomedicina e explorada a experiência da formação básica nessa área de conhecimento, bem como a abrangência da significação dessa área nas perspectivas da Ciência de Dados e da Bioinformática para a saúde humana. A análise de dados foi realizada mediante programação em Python.

As informações da literatura, encontrada na internet, foram complementadas com cursos, estágios e visitas a instituições de ensino, assistenciais, de pesquisa, perícia científica e atendimentos diversos em saúde; são informações que relacionam saúde e meio ambiente, no contexto amazônico, como doenças diarreicas e doenças associadas à poluição do ar. Foram utilizados bancos de dados de acesso livre desenvolvidos por: Agência Nacional de Águas (ANA)³ - nível do rio Acre; Aerosol Optical Network (AERONET)⁴ – espessura óptica de aerossóis (AOD); e PurpleAir⁵ - material particulado PM2,5.

¹ <https://www.barnsleyhospital.nhs.uk/news/the-vital-role-of-biomedical-science-in-healthcare/>

² <https://www.universitylabpartners.org/blog/intricacies-biomedical-science>

³ <https://www.gov.br/ana/pt-br>

⁴ <https://aeronet.gsfc.nasa.gov>

⁵ <https://www2.purpleair.com>

Foi realizada uma entrevista com o diretor do Instituto de Análises Forenses (IAF) do Acre para conhecimento da atuação profissional do biomédico na área referente à perícia científica, mais exatamente, à análise forense fundamentada em provas de DNA, cujos resultados têm a ver com a Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos (RIBPG)⁶ administrada pelo Ministério de Justiça. Essa rede de bancos de dados tem importância internacional, dada sua origem no Federal Bureau of Investigation (FBI) do Departamento de Justiça dos Estados Unidos⁷ e sua utilização em vários países do mundo devido à natureza transnacional de muitos crimes.

Foram acompanhadas as notícias referentes ao trabalho do biomédico durante a pandemia de COVID-19 e os momentos atuais de perigos e iminência de aparecimento de novas infecções em virtude do desequilíbrio ambiental provocado pelo desenvolvimento não sustentável; também foram acompanhadas notícias sobre medicina personalizada ou de precisão:

A medicina personalizada é uma prática emergente da medicina que usa o perfil genético de um indivíduo para orientar as decisões em relação à prevenção, diagnóstico e tratamento de doenças. O conhecimento do perfil genético de um paciente pode ajudar os médicos a selecionar a medicação ou terapia adequada. A medicina personalizada está fundamentada em dados do Projeto Genoma Humano.

Os humanos são semelhantes, mas também diferentes. E a ideia de que a medicina seria aplicada de uma forma que ignora essas diferenças não pode ser mais correta do que ir à loja de calçados e comprar qualquer sapato sem verificar o tamanho. A genômica está desempenhando um grande papel no surgimento da medicina personalizada, porque dá uma janela de uma maneira molecular muito específica para essas diferenças entre um e outros, e permite fazer previsões individuais sobre o risco de doenças. Também permite escolher o medicamento certo na dose certa para a pessoa certa. Assim, genomas completos sequenciados e colocados nos registros médicos de cada pessoa permitirão a abordagem personalizada. Muito trabalho a fazer aqui, mas talvez a maior revolução na medicina em muito tempo.⁸

... e notícias sobre construção de modernos centros de pesquisa e aplicações genômicas no Brasil, como por exemplo, em Ribeirão Preto, além de outras instituições já mencionadas, que trabalham em estreita parceria com a OPAS:

O Laboratório de Genômica é resultado de uma parceria do Supera Parque de Inovação e Tecnologia e o governo do Estado de São Paulo, por meio da Secretaria de Desenvolvimento Econômico. Com a oferta de serviços pelo laboratório, os pesquisadores terão maior acesso a testes que são realizados no exterior com custos elevados. O Laboratório fará análises de ácidos nucleicos (RNA e DNA) a partir da tecnologia de microarranjos. A metodologia é ágil e permite a análise simultânea e global de todo o genoma, abrindo possibilidades de pesquisa, desenvolvimento e inovações em diferentes áreas. Entre as aplicações, poderão ser desenvolvidos, por exemplo, estudos oncológicos, farmacológicos, de doenças raras, de células-tronco, entre outros. O Supera Parque dará suporte a laboratórios especializados em atividades já estabelecidas como, por exemplo, diagnósticos de câncer, fertilidade, exames pré-natais, em recém-nascidos e de predisposição, entre outros. Além disso, fornecerá estrutura necessária para que startups e outras empresas possam desenvolver Produtos Mínimos Viáveis (MVPs) e validações na área genética.⁹

Os avanços das ciências médicas muito ligados a outras ciências e tecnologias colocam os desafios da saúde na efetivação eficiente da telemedicina e a ciência cidadã, onde já se observa a realidade do monitoramento de dados ambientais e de diagnóstico produzidos pelos próprios indivíduos e encaminhados a bancos de dados gigantescos que começaram a contribuir, cada vez mais, à saúde coletiva (BUHR; SCHICKTANZ, 2022).

⁶ <https://www.gov.br/mj/pt-br/assuntos/sua-seguranca/seguranca-publica/ribpg/relatorio/xvi-relatorio-da-rede-integrada-de-bancos-de-perfis-geneticos-maio-2022>

⁷ <https://www.fbi.gov/news/press-releases/press-releases/the-fbis-combined-dna-index-system-codis-hits-major-milestone>

⁸ <https://www.genome.gov/genetics-glossary/Personalized-Medicine>

⁹ <https://www.ribeiraopreto.sp.gov.br/portal/noticia/parceria-garante-laboratorio-especializado-em-genetica-molecular-para-ribeirao-preto>

Um desses bancos de dados ambientais, relativos ao monitoramento atmosférico, oferece serviços ao planeta, à Amazônia e, em particular ao Acre, com base na internet das coisas¹⁰, sendo também objeto de descrição e utilização na presente pesquisa, junto a outros trabalhos sobre poluição do ar, caracterização das águas do rio Acre e doenças de veiculação hídrica.

A revisão realizada não desconhece a produção de conhecimentos sobre biodiversidade, serviços ambientais, clima e mudanças climáticas, desenvolvida pela comunidade nacional e internacional em décadas de trabalhos cooperativos entre pesquisadores e instituições, mas restringe-se apenas aos objetivos previstos.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Formação inicial em biomedicina

Dado que os campos de atuação do biomédico são numerosos e amplos, a graduação em biomedicina poderia contribuir mais convenientemente à formação inicial e pós-graduada em correspondência com as atuais temáticas (Tabela 1) das habilitações estabelecidas pelo Conselho Federal de Biomedicina¹¹, bem como com as atualizações científicas e tecnológicas contemporâneas e suas tendências.

Tabela 1. Atuais habilitações em biomedicina e sua relação com a bioinformática.

Habilitação	Notas	Aplicações da bioinformática
Acupuntura (relativa à imunologia)	Técnicas para reforço do sistema imunológico	Revelação dos mecanismos moleculares da acupuntura contra a COVID-19 (HAN; ZHANG; WANG <i>et al.</i> , 2021)
Análise ambiental (microbiologia)	Físico-química-microbiologia no saneamento ambiental	Sequenciamento do genoma de microrganismos que podem reduzir os níveis de CO ₂ na atmosfera (SHARMA, 2021)
Análises bromatológicas	Físico-químicas de alimentos	Reconhecimento de estruturas químicas e funções de patógenos; assim desenvolver drogas para proteger contra microrganismos (CERRATO; PIOVESANA; AITA <i>et al.</i> , 2022)
Auditoria (legislação)	Procedimentos e regulações legais do setor saúde	Área prioritária na capacitação científica e cooperação internacional (HEALY; TONG; OSTROFF <i>et al.</i> , 2016)
Banco de sangue (sorologias)	Processamento de sangue, sorologias e exames	Tecnologias de sequenciamento genômico para prever fenótipos de antígenos ABO em doadores de sangue (MONTEMAYOR; BRUNKER; KELLER, 2019)
Bioinformática ¹²	Para hospitais, laboratórios, clínicas e centros de saúde	Determinação de tratamento específico contra tipos de fungos (MIOZZA; BARCELÓ; PASSERO <i>et al.</i> , 2020)

¹⁰ IoT, Ciência Cidadã, PurpleAir, <https://map.purpleair.com/1/lb/mPM25/a10/p0/cC5#3.52/-16.74/-52.8>

¹¹ <https://cfbm.gov.br/profissionais/habilitacao/>

¹² A Bioinformática como uma das habilitações em Biomedicina, não coincide com o termo Bioinformática que define uma moderníssima união entre a Ciência de volumosos bancos dados, as Ciências da Saúde, a Biologia molecular e a Informática.

Biologia molecular	Realização e interpretação de análises de DNA	Características moleculares individuais dos pacientes para terapias específicas (VISIBELLI; CICALONI; SPIGA <i>et al.</i> , 2022)
Estética	Promoção do bem-estar físico e estético das pessoas	Variações genéticas e cuidados individualizados (JARVIS; THORNBURG; REBECCA <i>et al.</i> , 2020; OU; MA; CHEUNG <i>et al.</i> , 2015)
Bioquímica	Processos bioquímicos na manutenção da vida	Informações para apoiar o avanço em aplicações médicas (CAI; HUANG; CHEN <i>et al.</i> , 2013)
Citologia oncótica	Avaliação citológica do material esfoliativo	Sequenciamento de DNA na determinação de papiloma vírus humano de alto risco cancerígeno (CAETANO; SILVA; SOUZA, 2021)
Docência e Pesquisa	Biofísica, Virologia, Fisiologia, Histologia Humana, Patologia; Embriologia e Psicobiologia	Bioinformática no ensino superior (CAETANO; SILVA; SOUZA, 2021)
Farmacologia	Estudo dos efeitos da interação droga/organismo	Identificação e análise de novos objetivos e novas drogas (REDDY, 2017)
Fisiologia do esporte e da prática do exercício físico	Embasamento científico em torno das atividades e da prática do esporte	O genoma individual no desempenho de atletas (GINEVICIENE; UTKUS; PRANCKEVICIENE <i>et al.</i> , 2022)
Genética	Análises relacionadas e aconselhamento genético	Estudos de síndromes raras (PEREIRA; OLIVEIRA; SOUSA, 2020)
Gestão das tecnologias de saúde	Gerenciamento tecnológico no setor saúde	Uso do 5G para comunicação e informação (BIRNIN-KUDU; AWANG; SHEIK OSMAN, 2022)
Hematologia	Estudo e avaliação das doenças do sangue	Mecanismos moleculares a procura pela cura de malignidades (BERGEN, 2016; LI; MENG; LU, 2020)
Histotecnologia clínica	Deteção de doenças e anormalidades dos tecidos	Marcadores proteicos para diagnóstico (DENG; MILLER, 2019)
Imagenologia	Sistemas de diagnóstico por imagem	Interpretação de imagens (DOMECH; PÉREZ; MÉNDEZ, 2012; FEBLES, 2018; SARMIENTO-RAMOS, 2020)
Imunologia	Novas terapias e técnicas de diagnóstico clínico	Pesquisas em oncologia (MOUW; BECK; KEEN <i>et al.</i> , 2018)
Microbiologia	Estudo de microrganismos: bactérias, fungos e vírus	Ecologia microbiana (LOGARES; HAVERKAMP; KUMAR <i>et al.</i> , 2012)
Microbiologia dos Alimentos	Metabolismo dos alimentos	Patógenos em alimentos (GREENMAN; JURGENSEN; HOLMES <i>et al.</i> , 2021)

Monitoramento neurofisiológico transoperatório	Proteção das vias neurais nas cirurgias e diminuição dos déficits pós-operatórios	Neuroinformática (MORSE, 2008)
Parasitologia	Protozoários e helmintos de interesse médico	Aplicações em parasitologia (CANTACESSI; CAMPBELL; JEX <i>et al.</i> , 2012)
Patologia clínica (Análises clínicas)	Coleta, análises e emissão de laudos laboratoriais	Objetivos e perspectivas (CLAY; FISHER, 2017)
Perfusão extracorpórea	Profissional treinado e capacitado em operar a máquina extracorpórea em cirurgias torácicas e cardíacas	Tratamento à fraqueza muscular (BLAHA; PIT'HA; BLAHA <i>et al.</i> , 2010)
Práticas integrativas e complementares em saúde (PICS)	Atendimento nas Práticas, cargos de supervisão e de chefia, serviços de equipe de saúde em universidades públicas ou privadas e em unidades de atendimento do Sistema Único de Saúde (SUS)	Dados, tecnologia, integração (MICHELSEN; BRAND; ACHTERBERG <i>et al.</i> , 2015)
Radiologia	Atua sob supervisão médica na operação de equipamentos para o diagnóstico por imagem	Interpretação de imagens (DOMECH; PÉREZ; MÉNDEZ, 2012; FEBLES, 2018; SARMIENTO-RAMOS, 2020)
Reprodução humana	Realiza a manipulação de gametas (oócitos e espermatozoides) e pré-embriões	Saúde sexual, fertilidade e reprodução (EKLUND; SADOWSKI; TYLSTEDT, 2021)
Sanitarista	Trabalha com as questões políticas e sociais e com o planejamento e avaliação de programas e práticas coletivas de proteção da saúde	Dados, tecnologia, integração (MICHELSEN; BRAND; ACHTERBERG <i>et al.</i> , 2015)
Saúde Pública	Atua em pesquisas que podem fornecer dados desde o diagnóstico até a descoberta científica para a cura e prevenção de doenças	Dados, tecnologia, integração (MICHELSEN; BRAND; ACHTERBERG <i>et al.</i> , 2015)
Toxicologia	Estuda evidências que permitem a identificação da presença de substâncias químicas (agente tóxico) na investigação criminal	Distúrbios metabólicos (SINGH; BROWN; HALE <i>et al.</i> , 2022)
Cosmetologia	Resolução nº 339, CFBM, regulamenta a atividade	Melhores aplicações em dermatologia e cosmetologia (HAYDERI, 2020)

	profissional do biomédico, habilitado em Patologia Clínica, como responsável técnico de empresas que produzem e comercializam produtos para saúde	
Biotecnologia	Em 2021, o Conselho Federal de Biomedicina publicou a Resolução nº 341, de 1º de novembro de 2021, que autoriza o biomédico ser responsável técnico na atividade de Biotecnologia	Características moleculares individuais dos pacientes para terapias específicas (VISIBELLI; CICALONI; SPIGA <i>et al.</i> , 2022)
Fabricação, comercialização, prescrição de suplementos alimentares e responsabilidade técnica	O Conselho Federal de Biomedicina publicou a Resolução nº348, de 16 de junho de 2022, que dispõe sobre a responsabilidade técnica em fabricação, comercialização e prescrição de suplementos alimentares	Patógenos em alimentos (GREENMAN; JURGENSEN; HOLMES <i>et al.</i> , 2021)

Por outro lado, mesmo fora da esfera da bioinformática, são necessários conhecimentos relativos ao uso de bancos de dados e programas de computação para a organização, controle, estatística e visualização de resultados do trabalho em laboratórios clínicos e outras unidades assistências médicas e hospitalares.

Caberia estudar a possibilidade de unificar algumas habilitações nos exercícios da medicina e da biomedicina, por exemplo, nas especialidades de dermatologia, podologia e cosmetologia; de ortopedia e diagnóstico por imagens; cirurgia e robótica médica; toxicologia, nutrição e bromatologia; traumatologia e perícia criminal; e outras.

Em termos da formação profissional seria imprescindível contar com estágios e atividades práticas em todos os semestres, avaliações coletivas das disciplinas, elaboração coletiva de relatórios, de *papers* e, particularmente, elaboração coletiva de projetos de pesquisa e sua execução; fazer com que o Trabalho de Conclusão de Curso (TCC), tivesse as etapas de elaboração do projeto (TCC 1) e, após este aprovado, as etapas de pesquisa, escrita e defesa (TCC 2). A defesa como *grand finale* individual de uma formação coletiva, para o trabalho em grupo na criação de empresas, *startups* ou quaisquer outros trabalhos e atividades de benefício social.

Na formação, fazer uso de livros clássicos das várias disciplinas, publicados por editoras consagradas, bem como da literatura científica divulgada em artigos, dissertações, teses. Existe a possibilidade de acesso livre dos alunos a muitas revistas científicas por intermédio de subscrições do centro educacional, via notadamente explorada pelas instituições universitárias. Existem também aplicações para a educação, em constante aumento e evolução, desenhadas e promovidas por grandes empresas da informação e

comunicação como Google e MicroSoft, que podem ser de utilidade para a formação inicial e pós-graduada¹³.

3.1.1 Meio ambiente e saúde

Existem uma extensa plataforma de dados, imagens e outras informações, alimentada pelo monitoramento realizado por pesquisadores, grupos de pesquisa e instituições ao redor do mundo sobre temas de interesse da comunidade científica internacional, com a finalidade de ser utilizada para a colaboração e o avanço do conhecimento teórico e aplicado. Isso viabiliza, além da cooperação, realizar diferentes formas de abordagem e utilização de tais bancos de dados.

3.1.1.1 Infecções diarreicas

No trabalho de DUARTE; DIAZ-QUIJANO; BATISTA *et al.* (2019) os dados utilizados foram tomados do Sistema de Informações Hospitalares do SUS, do Instituto Nacional de Meteorologia (INMET), da Agência Nacional de Águas e Saneamento Básico (ANA) e do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE); a pesquisa foi desenvolvida no marco da cooperação entre a Universidade Federal do Acre (Ufac) e a Universidade de São Paulo. A área de estudo compreendeu a população do município de Rio Branco – AC, particularmente afetada, pelas águas das enchentes do rio Acre, na forma de doenças diarreicas infecciosas. Durante as enchentes do rio Acre, podem se elevar as taxas de internação hospitalar, em Rio Branco, por causa de infecções diarreicas ocasionadas pela contaminação das águas, de alimentos e o deficiente serviço de saneamento básico. Demonstrou-se, em termos quantitativos, que o aumento do nível médio mensal do rio Acre em um metro pode contribuir para o aumento de até 7% da taxa de internação no período correspondente. Este resultado é importante, não obstante, valer somente para o período entre 2000 e 2006, a partir daí até 2013 não se evidenciam sinais de correlação. Em geral, o exercício da pesquisa sobre este e outros temas está recorrentemente aberto à contribuição, sendo evidenciado no estudo recente de (FUCKNER; JUNIOR; GURGEL *et al.*, 2019) sobre doenças diarreicas e clima realizado em todas as capitais do Brasil. Os laboratórios de análises clínicas com a ajuda de alunos e profissionais poderiam promover pesquisas para elucidar as etiologias das diarreias infecciosas e sua distribuição por bairros das cidades.

3.1.1.2 Poluição do ar

A cooperação internacional, entre países de todos os continentes, tem permitido o desenvolvimento de bancos de dados de acesso livre para estudos sobre poluição ambiental e aplicações. As queimadas na Amazônia têm contribuído para o aumento das doenças respiratórias, cânceres do pulmão e mortes prematuras localmente e além das suas fronteiras. O Brasil é agente causador do aquecimento global, na mesma medida em que descumpre os acordos internacionais de diminuição das emissões de CO₂ vindas das queimadas florestais e de combustíveis fósseis, principalmente; em 2021 foram emitidas 2,42 Gt(CO₂)¹⁴. Em 2022, até o mês de setembro, o desmatamento e queimadas devastaram mais de 9·10³ km² da floresta amazônica¹⁵.

Junto à emissão de gases para a atmosfera são emitidos aerossóis (material particulado de diferentes tamanhos), por exemplo, com diâmetro inferior ou igual a 2,5 µm; esse material chamado de PM_{2,5} é levado pela respiração aos alvéolos e causa várias doenças inclusive

¹³ UNIASSELVI oferece acesso a PowerBI, para manipulação de grandes bancos de dados e visualização; a Teams para comunicação à distância entre alunos e professores; e a laboratórios virtuais.

¹⁴ <https://seeg.eco.br/en/press-release>

¹⁵ <https://amazon.org.br/imprensa/desmatamento-acumulado-ate-setembro-passa-dos-9-mil-km2-em-2022-pior-marca-em-15-anos>

câncer, sendo responsável pela morte prematura de pessoas. O limite absolutamente saudável para a qualidade do ar seria uma concentração de PM_{2,5} de 0 µg/m³; por tal motivo e fundamentado em evidências a Organização Mundial da Saúde (OMS) vem diminuindo o limite de recomendado para 24 h de exposição à poluição do ar, sendo atualmente de 15 µg/m³ (WHO, 2021). Recentemente foi dada uma explicação sobre o possível mecanismo pelo qual a poluição do ar provoca câncer do pulmão, inclusive em não-fumantes, com base no estabelecimento de uma ligação entre PM_{2,5} e o receptor do Fator de Crescimento Epidérmico (EGF)¹⁶. As mutações do câncer existem no tecido pulmonar normal e demais tecidos e pode acontecer que a Interleucina 1-beta (IL-1β)¹⁷, intermediada pela poluição, atue nessas mutações, gerando o início do tumor. Segundo SWANTON (2022) essa informação pode levar à prevenção molecular do câncer em grupos de alto risco. Interessante mencionar que, há mais de uma década, uma vacina para o tratamento do câncer de pulmão, a CimaVax EGF¹⁸ (com uso do Fator de Crescimento Epidérmico), foi desenvolvida por cientistas cubanos do Centro de Imunologia Molecular de La Habana e conta com a anuência internacional pelos seus benefícios comprovados¹⁹.

As recomendações da OMS, no caso de exposição a concentração de PM_{2,5}, estabelecem um limite médio, em 24 h, de 15 µg/m³ e um limite médio, em 1 ano, de 5 µg/m³. A exposição à poluição do ar acima desses limites diário ou anual, acarreta riscos à saúde, que levam à morte prematura a mais de sete milhões de pessoas todo ano²⁰. Logicamente, quanto maior é a concentração de PM_{2,5} acima dos limites mencionados, maiores serão os riscos; sendo que a mortalidade cresce linearmente com o aumento da concentração da poluição do ar, em determinado intervalo (WHO, 2021).

A Ufac é uma das instituições amazônicas com mais longo tempo de atuação no monitoramento da qualidade do ar no Brasil. Medições de AOD (400 nm), com picos superiores a 1,5, permitiram observar e quantificar a sazonalidade da poluição do ar na Amazônia Ocidental entre julho e setembro (SCHAFER; ECK; HOLBEN *et al.*, 2008).

O panorama mundial da poluição do ar, exemplificado pelo monitoramento de sensores PurpleAir, está dado na Figura 1. Os círculos verdes no mapa significam ar limpo de material particulado. Embora nem todo o mundo está coberto de tais sensores, é visível observar o caráter planetário da poluição do ar.

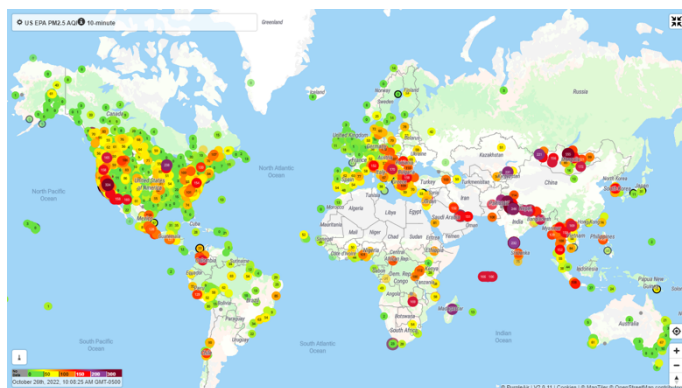


Figura 1. A escala de cores, no mapa, indica a concentração de PM_{2,5} em µg/m³.

¹⁶ Uma proteína nas células que as ajuda a crescer. Uma mutação no gene do EGFR pode fazê-lo crescer descontroladamente e causar câncer.

¹⁷ Proteína solúvel produzida por linfócitos, monócitos, macrófagos, fibroblastos ... com capacidade de estimular efeitos específicos sobre células outras células.

¹⁸ <https://www.cancerdepulmao.com.br/vacina.php>

¹⁹ <https://operamundi.uol.com.br/sociedade/47380/cientistas-norte-americanos-testam-vacina-contracancer-de-pulmao-desenvolvida-em-cuba>

²⁰ <https://www.drishtias.com/daily-updates/daily-news-analysis/new-who-global-air-quality-guidelines>

Na parte noroeste do Brasil destaca-se a rede PurpleAir de monitoramento da qualidade do ar no Acre(MELO; SILVA; ANDERSON *et al.*, 2020), Figura 2.

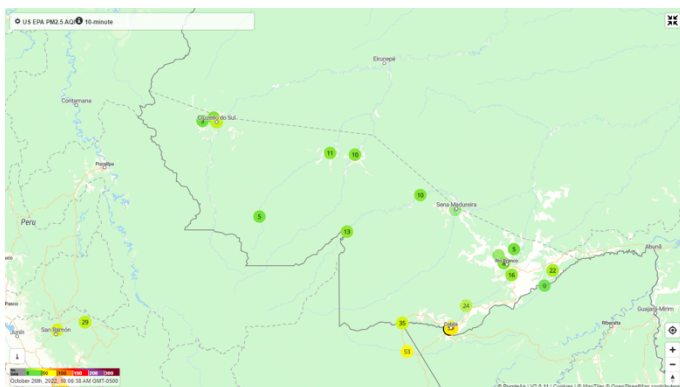


Figura 2. Rede de sensores PurpleAir de monitoramento da qualidade do ar do Acre, com mais de 30 unidades instaladas nos 22 municípios do estado.

Na Figura 3, abaixo, está apresentado um recorte dos dados de PM_{2,5} monitorados entre dezembro de 2017 e setembro de 2022 por um dos sensores instalados na Ufac.

timeA	PM25A
2017-12-31 19:00:15	2.54
2017-12-31 19:01:35	1.62
2017-12-31 19:02:55	1.82
2017-12-31 19:04:15	3.00
2017-12-31 19:05:35	2.68
...	...
2022-10-25 14:16:16	2.98
2022-10-25 14:18:16	2.39
2022-10-25 14:20:16	3.04
2022-10-25 14:22:16	2.60
2022-10-25 14:24:16	2.14

1254419 rows × 2 columns

Figura 3. Mais de 1.250.000 dados brutos de PM_{2,5} ($\mu\text{g}/\text{m}^3$), coluna PM25A, a intervalos aproximados de 1 minuto, coluna timeA, foram monitorados pelo sensor AcreBioClima Ufac²¹ entre dezembro de 2017 e setembro de 2022.

Da análise dos dados se evidencia a sazonalidade apontada anteriormente (medições de AOD), agora vista em função de uma metodologia diferente (medições de PM_{2,5}), como demonstrado nas Figuras 4a,b,c.

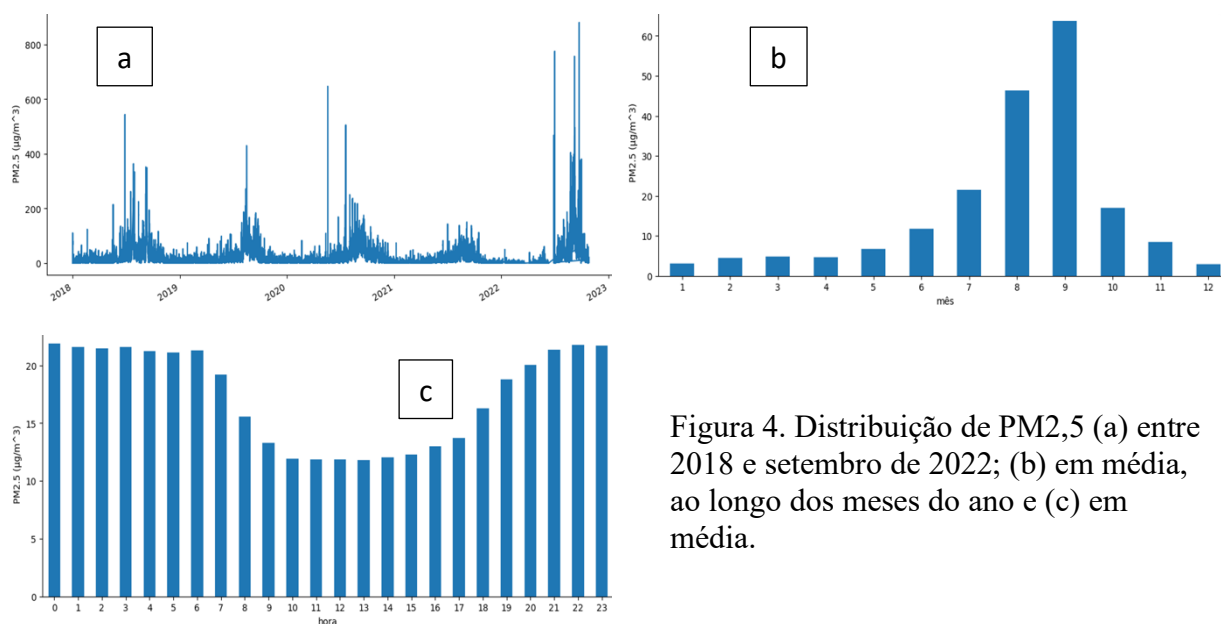


Figura 4. Distribuição de PM_{2,5} (a) entre 2018 e setembro de 2022; (b) em média, ao longo dos meses do ano e (c) em média.

²¹ <https://map.purpleair.com/1/lb/mPM25/a10/p0/cC5?select=151650#17/-9.958521/-67.867692>

Nota-se em (a) a sazonalidade dos eventos de poluição do ar, pois estão associados às queimadas florestais, que acontecem na estação seca, determinando o aumento da concentração de PM_{2,5} entre julho e outubro, como observado no quadro (b). No quadro (c) observa-se a partir do anoitecer e durante as madrugadas concentra-se uma maior poluição do ar; este último resultado não leva em consideração a sazonalidade da poluição, conseqüentemente, subestima-se a concentração de PM_{2,5} durante a seca e sobrestima-se durante a estação chuvosa, mas dá uma ideia do efeito conhecido da umidade do ar, maior durante a noite e madrugada, sobre o particulado atmosférico.

Seria interessante correlacionar os valores do quadro (a) com os de internações e mortes causados pela poluição do ar, quer dizer, por síndrome respiratória aguda grave (SARS), mas esse propósito escapa dos objetivos do presente trabalho devido a que uma parcela do intervalo considerado foi ocupada pela pandemia de SARS-CoV-2, que trouxe um aumento, fora de qualquer padrão, dos casos de síndrome respiratória e mortes; por outro lado, os efeitos da poluição do ar atuam como agravantes da COVID-19 (LYM; KIM, 2022; MEO; AL-KHLAIWI; ULLAH, 2021; YAMADA; YAMADA; MANI, 2021).

3.1.1.3 Imagenologia

Para diagnósticos clínicos atualmente são imprescindíveis os resultados de análises dos produtos metabólicos e fluidos corporais, dos parâmetros do sistema cardiorrespiratório e dos estudos por imagens de partes de interesse específica. A radiografia e tomografia torácicas não revelam especificidades de COVID-19 em mais da metade dos pacientes submetidos a exame com apenas 2 dias de padecimento dos sintomas; o progresso visível da doença geralmente acontece entre o 5° e 8° dias, sendo detectável nas imagens uma extensa opacidade de vidro fosco em ambos os pulmões (KANNE; BAI; BERNHEIM *et al.*, 2021).

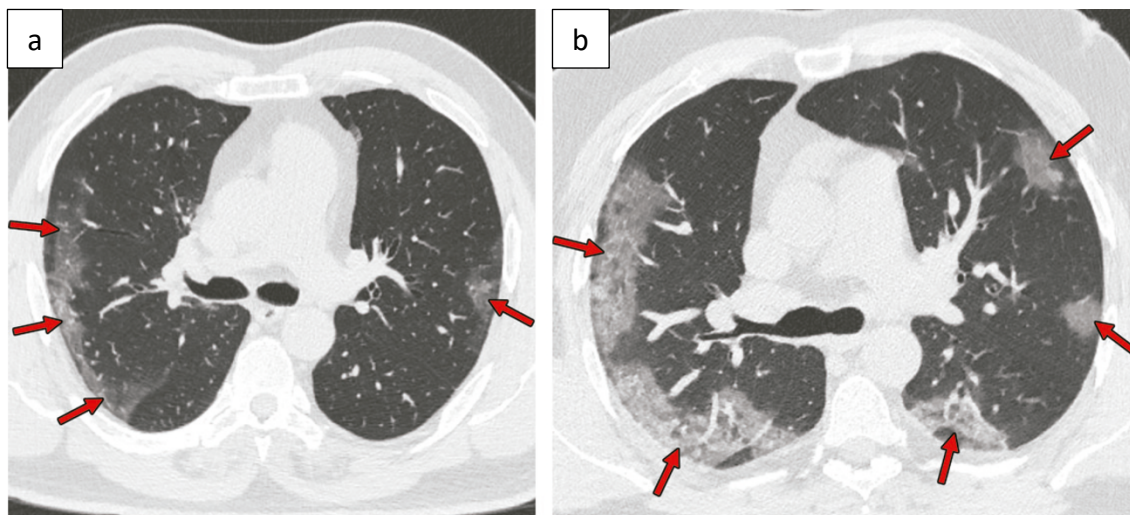


Figura 5. Imagens de pneumonia típica de COVID-19²², obtidas por tomografia computadorizada (TC) em pulmões de adultos, com teste positivo para SARS-CoV-2²³ por exame de RT-PCR²⁴; as setas mostram áreas bilaterais periféricas de opacidade tipo vidro fosco (KWEE; KWEE, 2020).

²² COVID-19 – Coronavirus disease (ano 2019)

²³ SARS – Severe Acute Respiratory Syndrome, CoV – Coronavirus

²⁴ RT-PCR – Reverse Transcription–Polymerase Chain Reaction

Existe o acesso livre a muitos bancos de imagens²⁵ para serem utilizados no ensino e nas pesquisas em saúde; os alunos do curso de biomedicina têm aí uma porta aberta para a realização de pesquisas. Por outro lado, a interpretação das imagens está condicionada a protocolos estabelecidos pela OMS com base em estudos de instituições especializadas (KANNE; BAI; BERNHEIM *et al.*, 2021). Vale mencionar que, para chegar a conclusões de interpretação das imagens radiográficas e tomográficas relacionadas com a COVID-19 é necessário um exame diagnóstico positivo de RT-PCR.

A pandemia de COVID-19 é um problema de saúde em curso, que se alastra há três anos. Novas variantes implicam o aumento dos casos e mortes como acontece atualmente. Uma descrição das características do vírus e suas mutações pode ser encontrada em LU; ZHAO; LI *et al.* (2020) e KUMAR; NYODU; MAURYA *et al.* (2020).

Profissionais da saúde, em particular professora e alunos da turma 1815640, padeceram da doença em função dos seus trabalhos, na linha de frente, em combate à COVID-19. O sistema de educação teve que se adaptar às condições impostas pela pandemia.



3.1.2 Genética forense

A entrevista com o diretor do Instituto de Análises Forenses, do Departamento de Polícia Técnico-Científica (DPTC) do Acre, foi realizada na sede do órgão e não foi gravada.

Foram obtidas as seguintes informações de interesse. Existe no Brasil desde 2013 uma Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos (RIBPG) voltada para o esclarecimento de crimes ou de pessoas desaparecidas, por meio do uso e compartilhamento nacional e internacional (mediante a Interpol) da caracterização genética de provas em processos judiciais. As análises para determinação de perfis genéticos são realizadas nos laboratórios de genética forense da RIBPG. Atualmente só 22 estados da federação estão integrados na rede; Acre, Rio Grande do Norte, Piauí, Roraima, Tocantins e Sergipe possuem laboratórios de análises forenses, mas ainda não estão credenciados na RIBPG, não obstante participam de ações, como por exemplo, coleta de amostras para análises em outros laboratórios da Rede, assim perfis genéticos associados a casos acontecidos no Acre compõem o banco da Rede. Nos laboratórios trabalham os peritos criminais.

Na mesma medida em que o banco de perfis cresce, também crescem as coincidências entre perfis genéticos cadastrados e aqueles correspondentes a amostras relativas a crimes em investigação e desaparecidos, crescendo assim também a solução de casos judiciais. Chamou a atenção a solução de um caso de estupro em série realizados por um mesmo criminoso em 4 estados das regiões Norte e Centro Oeste do Brasil, em 2019. Foram mais de 50 mulheres estuproadas. A identidade do estuproador foi identificada pela RIBPG nos bancos de perfis dos estados do Amazonas, Rondônia e Goiânia, dada a compatibilidade genética encontrada. Como dito antes, as intervenções crescem e somente em 2021 foram mais de 7.500, entre compatibilidades confirmadas, vestígios, cadastramento de perfis e auxílio a investigações judiciais em andamento.

²⁵ <https://www.radiologymasterclass.co.uk/gallery/galleries>

Na entrevista o diretor do IAF fez questão de mencionar que foi a Presidenta Dilma Rousseff, que no ano de 2012, sancionou a Lei Ordinária Federal, que disciplina a amostragem de perfil genético para identificação criminal. No Congresso Nacional significaram o acontecimento como uma revolução na genética forense, pois o DNA encontrasse nos fluidos e tecidos humanos e possibilita construir o perfil genético de cada pessoa. No Brasil, não é obrigatória, nem nos casos de indivíduos privados de liberdade, o fornecimento de material biológico para extração do perfil de DNA.

Em termos históricos as ideias de criação de bancos de dados sobre genética forense integrados, nasceram na Inglaterra e foram desenvolvidas rapidamente nos Estados Unidos, na última década do século XX. Naquele momento foi elaborado o software chamado de Sistema de Índice de DNA Combinado (CODIS)²⁶, convertido em eixo das investigações criminais por identificação de DNA, em vários países do mundo.

Na Tabela 2 estão apresentados os marcadores principais usados no CODIS para a busca de compatibilidade de perfis na genética forense.

Tabela 2. Marcadores para a busca de compatibilidade no CODIS

Marcador	Unidades de repetição ²⁷ nos alelos	Cromossomo
CSF1PO	AGAT	5
D3S1358	AGAT e AGAC	3
D5S818	AGAT	5
D7S820	GATA	7
D8S1179	TCTA e TCTG	8
D13S317	TATC	13
D16S539	GATA	16
D18S51	AGAA	18
D21S11	TCTA e TCTG	21
FGA	CTTT	4
TH01	TCAT	11
TPOX	AATG	2
vWA	TCTA, TCTG e TCCA	12
D1S1656	TCTA e TCA	1
D2S441	TCTA	2
D2S1338	TGCC e TTCC	2
D10S1248	GGAA	10
D12S391	AGAT e AGAC	12
D19S433	AAGG	19
D22S1045	ATT	22

²⁶ CODIS - Combined DNA Index System

²⁷ STR – Short Tandem Repeats

3.1.3 Sequenciamento genético

O feito extensamente divulgado do completamento, quase total, do sequenciamento do genoma humano, neste ano de 2022, considera-se um sucesso extraordinário da colaboração internacional, permitido pelos avanços tecnológicos na esfera da bioinformática e sequenciadores genéticos que imprimiram um desenvolvimento acelerado das pesquisas. As implicações para a medicina, cuidados e tratamentos da saúde receberão, cada vez mais, os aportes desse avanço. Testes genéticos serão incorporados, à rotina dos diagnósticos de precisão.

Estudos abrangentes relativos a repetidos sequenciamentos de populações têm mostrado variações genômicas na espécie humana. É um trabalho colossal o que está frente à Ciência, pois ainda falta muito para desvendar a completa diversidade da variação genética humana (NURK; KOREN; RHIE *et al.*, 2022).

Os avanços em sequenciamento genético abrem campo para uma nova visão sobre as transfusões sanguíneas além do sistema ABO, na imuno-hematologia (MONTEMAYOR; BRUNKER; KELLER, 2019).

Só em termos numéricos, grosso modo, o genoma humano alcança a complexidade de 3 bilhões de pares de bases (A,G,C,T), 30 mil genes em 23 pares de cromossomos compostos por moléculas de DNA.

4. CONCLUSÃO

O curso de Biomedicina pode preparar o profissional com múltiplas habilidades em atenção aos caminhos previstos pelo Conselho Federal de Biomedicina. A formação não é uma novidade, está em andamento há mais de sessenta anos. No lugar de um amplo espectro de atuação do profissional formado, nota-se uma direcionalidade para duas áreas (análises clínicas e estética) quando deveriam ser privilegiadas todas as áreas. Uma formação coletiva com base em atividades práticas e livros de qualidade internacional reconhecida, garantiria diferenciar o biomédico do técnico ou do auxiliar técnico em qualquer ambiente. A formação científica do biomédico poderia ser explorada para o desenvolvimento científico e tecnológico de alto nível, como demonstrado na carreira pela criação de vacinas na luta contra a pandemia de COVID-19. Por tal motivo a valorização profissional alcançou patamares maiores, em correspondência com as suas reais contribuições à sociedade.

A atualização do currículo deve ser constante. O acesso a grandes bancos de dados deve ser incentivado, assim como o emprego de meios e métodos da investigação científica abertos a sua utilização. Isso pode trazer ganhos na formação e na atuação em biomedicina, paralelamente aos esforços de desenvolvimento da medicina de precisão.

De forma similar ao compartilhamento dos bancos de dados da Rede Integrada de Perfis Genéticos poderia se desenvolver a integração de laboratórios de análises clínicas, hospitais e centros de saúde para a geração de bancos de dados sigilosos com o resultado de análises clínicas e outras informações importantes e necessárias ao fim da realização de pesquisas em saúde coletiva, com o objetivo de identificar padrões de incidência no agravo à saúde e colocar em prática medidas de prevenção.

Existem bancos de dados e informações sobre poluição do ar, clima, imagenologia, meteorologia, genética e outras áreas de conhecimento que se entrelaçam com os objetivos das Ciências Médicas, para as quais converge uma interdisciplinaridade sem

limites, em área tão ampla como as Ciências da Vida e da Terra. O uso dessas fontes para a aprendizagem ativa é indispensável.

Em momentos em que transcorre a COP27 e estão pendentes de cumprimento os Objetivos do Desenvolvimento Sustentável, a geração e aplicação de conhecimentos junto ao bom senso certamente deverão prevalecer, daqui para frente, como formas importantes para salvar o planeta.

REFERÊNCIAS

ABREU, F. P. D.; CASA, P. L.; OLIVEIRA, N. S. D.; DANI, J. G.; SILVA, S. D. Á. E. Núcleo de Pesquisa em Bioinformática da Universidade de Caxias do Sul: 12 anos de história. **Revista Interdisciplinar de Ciência Aplicada**, 5, n. 9, p. 11-19, 2021.

BERGEN, K. V. **Characterization and recognition of minor histocompatibility antigens**. Orientador: FALKENBURG, J. H. F. 2016. (Doctor) -, Universiteit Leiden Disponível em: <http://hdl.handle.net/1887/37178>.

BIRNIN-KUDU, A. H.; AWANG, H.; SHEIK OSMAN, W. R. Digital-Biotechnology: A Framework of Bioinformatics used Mobile-Health Technologies in Nigeria-Universities 5G-Readiness Deployment-Plan. **Emerging Advances in Integrated Technology**, 3, n. 1, 2022.

BLAHA, M.; PITHA, J.; BLAHA, V.; LANSKA, M.; MALY, J.; FILIP, S.; LANGROVA, H. Extracorporeal immunoglobulin elimination for the treatment of severe myasthenia gravis. **Journal of Biomedicine and Biotechnology**, 2010, p. 419520, 2010.

BONFIELD, J. K. CRAM 3.1: Advances in the CRAM File Format. **Bioinformatics**, Jan 6 2022.

BREZOVSKY, J.; THIRUNAVUKARASU, A. S.; SURPETA, B.; SEQUEIROS-BORJA, C. E.; MANDAL, N.; SARKAR, D. K.; DONGMO FOUUMTHUIM, C. J.; AGRAWAL, N. TransportTools: a library for high-throughput analyses of internal voids in biomolecules and ligand transport through them. **Bioinformatics**, Dec 31 2021.

BUHR, L.; SCHICKTANZ, S. Individual benefits and collective challenges: Experts' views on data-driven approaches in medical research and healthcare in the German context. **Big Data & Society**, 9, n. 1, 2022.

CAETANO, J. D. A.; SILVA, L. G. D.; SOUZA, P. G. V. D. D. Análise de bioinformática do sequenciamento de DNA de oncoproteínas e sua relação com a imunopatogênese dos subtipos de HPV 16 e 18. **Revista NBC - Belo Horizonte**, 11, n. 21, p. 75-88, 2021.

CAI, Y.; HUANG, T.; CHEN, L.; NIU, B. Application of systems biology and bioinformatics methods in biochemistry and biomedicine. **BioMed Research International**, 2013, p. 651968, 2013.

CANTACCESSI, C.; CAMPBELL, B. E.; JEX, A. R.; YOUNG, N. D.; HALL, R. S.; RANGANATHAN, S.; GASSER, R. B. Bioinformatics meets parasitology. **Parasite Immunology**, 34, n. 5, p. 265-275, May 2012.

CERRATO, A.; PIOVESANA, S.; AITA, S. E.; CAVALIERE, C.; FELLETTI, S.; LAGANA, A.; MONTONE, C. M.; VARGAS-DE-LA-CRUZ, C.; CAPRIOTTI, A. L. Detailed investigation of the composition and transformations of phenolic compounds in fresh and fermented *Vaccinium floribundum* berry extracts by high-resolution mass spectrometry and bioinformatics. **Phytochemical Analysis**, 33, n. 4, p. 507-516, Jun 2022.

CHEN, C.; NADEAU, S.; YARED, M.; VOINOV, P.; XIE, N.; ROEMER, C.; STADLER, T. CoV-Spectrum: Analysis of Globally Shared SARS-CoV-2 Data to Identify and Characterize New Variants. **Bioinformatics**, Dec 25 2021.

CHOWDHARY, M.; RANI, A.; PARKASH, J.; SHAHNAZ, M.; DEV, D. Bioinformatics: an overview for cancer research. **Journal of Drug Delivery and Therapeutics**, 6, n. 4, 2016.

CLAY, M. R.; FISHER, K. E. Bioinformatics Education in Pathology Training: Current Scope and Future Direction. **Cancer Informatics**, 16, p. 1176935117703389, 2017.

DENG, F.; MILLER, J. A review on protein markers of exosome from different bio-resources and the antibodies used for characterization. **Journal of Histotechnology**, 42, n. 4, p. 226-239, Dec 2019.

DOMECH, G. E.; PÉREZ, J. A. G.; MÉNDEZ, A. A. H. Pre-procesamiento de datos de imagenología de tejidos por espectrometría de masas maldi. *In*: Convención Internacional de Salud Pública, 2012, La Habana. Centro Inmunología Molecular, Disponível em: <https://www.redalyc.org/journal/5537/553768213002/553768213002.pdf>.

DUARTE, J. L.; DIAZ-QUIJANO, F. A.; BATISTA, A. C.; DUARTE, A. F.; MELCHIOR, L. A. K.; GIATTI, L. L. Climate variability and hospitalizations due to infectious diarrheal diseases in a municipality of the Western Brazilian Amazon Region. **Ciência & Saúde Coletiva**, 24, n. 8, p. 2959-2970, Aug 5 2019.

EKLUND, L.; SADOWSKI, H.; TYLSTEDT, B. **Controlling the Uncontrollable: The Impact of Reproductive Health Apps on Experiences of Pregnancy, Healthcare Professionals' Work and Data Governance**. Uppsala University 2021. Disponível em: <https://www.im.uu.se/research/projects/controlling-the-uncontrollable-the-impact-of-reproductive-health-apps/>.

FEBLES, G. Inteligencia artificial en Imagenología. **Revista de Imagenología**, XXII, n. 1, p. 7-13, 2018.

FUCKNER, M.; JUNIOR, O. A. D. C.; GURGEL, H.; BARCELLOS, C.; DURIEUX, L. Análise dos padrões espaço-temporais das internações por diarreia e do clima nas capitais brasileiras. **Revista Confins**, 42, p. 1-21, 2019.

GAUTHIER, J.; VINCENT, A. T.; CHARETTE, S. J.; DEROME, N. A brief history of bioinformatics. **Briefings in Bioinformatics**, 20, n. 6, p. 1-16, 2018.

GERAQUE, E. A revolução da bioinformática. **Revista FAPESP**, n. Especial, 2003.

GINEVICIENE, V.; UTKUS, A.; PRANCKEVICIENE, E.; SEMENOVA, E. A.; HALL, E. C. R.; AHMETOV, II. Perspectives in Sports Genomics. **Biomedicines**, 10, n. 2, Jan 27 2022.

GREENMAN, N. A.; JURGENSEN, S. K.; HOLMES, C. P., 2ND; KAPSAK, C. J.; DAVIS, R. E.; MAZA, W. M.; EDEMBA, D.; ESSER, B. A.; HISE, S. M.; KEEN, T. N.; LARSON, H. G.; LOCKWOOD, D. J.; WANG, B.; HARSH, J. A.; HERRICK, J. B. Genomics of Environmental Salmonella: Engaging Students in the Microbiology and Bioinformatics of Foodborne Pathogens. **Frontiers in Microbiology**, 12, p. 592422, 2021.

HAN, Z.; ZHANG, Y.; WANG, P.; TANG, Q.; ZHANG, K. Is acupuncture effective in the treatment of COVID-19 related symptoms? Based on bioinformatics/network topology strategy. **Briefings in Bioinformatics**, 22, n. 5, Sep 2 2021.

HARRIS, C. R.; MCKINLEY, E. T.; ROLAND, J. T.; LIU, Q.; SHRUBSOLE, M. J.; LAU, K. S.; COFFEY, R. J.; WROBEL, J.; VANDEKAR, S. N. Quantifying and correcting slide-to-slide variation in multiplexed immunofluorescence images. **Bioinformatics**, Jan 4 2022.

HAYDERI, L. E. Awards 2020 on Dermatology and Cosmetology *In*: 8th International Conference on Dermatology and Cosmetology, 2020, Stockholm, Sweden. **3**. Journal of Health Informatics & Management, 3. Disponível em: <https://www.scitechnol.com/peer-review/awards-2020-on-dermatology-and-cosmetology-jkP7.pdf>.

HEALY, M. J.; TONG, W.; OSTROFF, S.; EICHLER, H. G.; PATAK, A.; NEUSPIEL, M.; DELUYKER, H.; SLIKKER, W., JR. Regulatory bioinformatics for food and drug safety. **Regulatory Toxicology and Pharmacology**, 80, p. 342-347, Oct 2016.

HOHLER, D.; PFEIFFER, W.; IOANNIDIS, V.; STOCKINGER, H.; STAMATAKIS, A. RAXML Grove: An empirical Phylogenetic Tree Database. **Bioinformatics**, Dec 28 2021.

JABLONSKI, K. P.; PIRKL, M.; CEVID, D.; BUHLMANN, P.; BEERENWINKEL, N. Identifying cancer pathway dysregulations using differential causal effects. **Bioinformatics**, Dec 20 2021.

JARVIS, T.; THORNBURG, D.; REBECCA, A. M.; TEVEN, C. M. Artificial Intelligence in Plastic Surgery: Current Applications, Future Directions, and Ethical Implications. **Plastic and Reconstructive Surgery – Global Open**, 8, n. 10, p. e3200, Oct 2020.

KANNE, J. P.; BAI, H.; BERNHEIM, A.; CHUNG, M.; HARAMATI, L. B.; KALLMES, D. F.; LITTLE, B. P.; RUBIN, G. D.; SVERZELLATI, N. COVID-19 Imaging: What We Know Now and What Remains Unknown. **Radiology**, 299, n. 3, p. E262-E279, Jun 2021.

KUMAR, S.; NYODU, R.; MAURYA, V. K.; SAXENA, S. K. Morphology, Genome Organization, Replication, and Pathogenesis of Severe Acute Respiratory Syndrome

Coronavirus 2 (SARS-CoV-2). *In: Coronavirus Disease 2019 (COVID-19)*, 2020. cap. Chapter 3, p. 23-31. (Medical Virology: From Pathogenesis to Disease Control).

KWEE, T. C.; KWEE, R. M. Chest CT in COVID-19: What the Radiologist Needs to Know. **Radiographics**, 40, n. 7, p. 1848-1865, Nov-Dec 2020.

LI, M.; MENG, F.; LU, Q. Expression Profile Screening and Bioinformatics Analysis of circRNA, LncRNA, and mRNA in Acute Myeloid Leukemia Drug-Resistant Cells. **Turkish Journal of Hematology**, 37, n. 2, p. 104-110, May 6 2020.

LI, M.; ZHANG, D.; GAO, Q.; LUO, Y.; ZHANG, H.; MA, B.; CHEN, C.; WHIBLEY, A.; ZHANG, Y.; CAO, Y.; LI, Q.; GUO, H.; LI, J.; SONG, Y.; ZHANG, Y.; COPSEY, L.; LI, Y.; LI, X.; QI, M.; WANG, J. *et al.* Genome structure and evolution of *Antirrhinum majus* L. **Nature Plants**, 5, n. 2, p. 174-183, Feb 2019.

LOGARES, R.; HAVERKAMP, T. H.; KUMAR, S.; LANZEN, A.; NEDERBRAGT, A. J.; QUINCE, C.; KAUSERUD, H. Environmental microbiology through the lens of high-throughput DNA sequencing: synopsis of current platforms and bioinformatics approaches. **Journal of Microbiological Methods**, 91, n. 1, p. 106-113, Oct 2012.

LU, R.; ZHAO, X.; LI, J.; NIU, P.; YANG, B.; WU, H.; WANG, W.; SONG, H.; HUANG, B.; ZHU, N.; BI, Y.; MA, X.; ZHAN, F.; WANG, L.; HU, T.; ZHOU, H.; HU, Z.; ZHOU, W.; ZHAO, L.; CHEN, J. *et al.* Genomic characterisation and epidemiology of 2019 novel coronavirus: implications for virus origins and receptor binding. **The Lancet**, 395, n. 10224, p. 565-574, 2020.

LYM, Y.; KIM, K. J. Exploring the effects of PM2.5 and temperature on COVID-19 transmission in Seoul, South Korea. **Environmental Research**, 203, p. 111810, Jan 2022.

MELO, A. W. F.; SILVA, S. S.; ANDERSON, L. O.; NAASCIMENTO, V. M. L.; FREITAS, M. F.; DUARTE, A. F.; BROWN, I. F. **Monitoramento da qualidade do ar em 2019 no Estado do Acre**. Ufac. Cruzeiro do Sul, p. 28. 2020.

MEO, S. A.; AL-KHLAIWI, T.; ULLAH, C. H. Effect of ambient air pollutants PM2.5 and PM10 on COVID-19 incidence and mortality: observational study. **European Review for Medical and Pharmacological Sciences**, 25, p. 553-7564, 2021.

MICHELSSEN, K.; BRAND, H.; ACHTERBERG, P.; WILKINSON, J. **Promoting better integration of health information systems: best practices and challenges**. WHO European Region. Copenhagen Ø, Denmark, p. 44. 2015.

MIOZZA, V.; BARCELÓ, S.; PASSERO, P.; FARAH, E.; PÉREZ, C. Contributions of bioinformatics to study natural antifungals: review in a pharmacological context. **Revista Fitos**, 14, n. 4, p. 547-562, 2020.

MONTEMAYOR, C.; BRUNKER, P. A. R.; KELLER, M. A. Banking with precision: transfusion medicine as a potential universal application in clinical genomics. **Current Opinion in Hematology**, 26, n. 6, p. 480-487, Nov 2019.

MORSE, T. M. Neuroinformatics: From Bioinformatics to Databasing the Brain. **Bioinformatics and Biology Insights**, 2, p. 253–264, 2008.

MOUW, K. W.; BECK, T. F.; KEEN, J. C.; DICKE, A. P. **Assessing the Training and Research Environment for Genomics, Bioinformatics, and Immunology in Radiation Oncology**. Hospital/Dana-Farber Cancer Institute. Boston, p. 1-9. 2018.

NEOPROSPECTA. Bioinformática no Brasil: uma história recente. São Paulo 2022.

NGUYEN, Q. H.; NGUYEN, T.; LE, D. H. DrGA: cancer driver gene analysis in a simpler manner. **BMC Bioinformatics**, 23, n. 1, p. 86, Mar 5 2022.

NURK, S.; KOREN, S.; RHIE, A.; RAUTIAINEN, M.; ANDREYV.BZIKADZE; MIKHEENKO, A.; VOLLGER, M. R.; ALTEMOSE, N.; URALSKY, L.; GERSHMAN, A.; AGANEZOV, S.; HOYT, S. J.; DIEKHANS, M.; LOGSDON, G. A.; ALONGE, M.; ANTONARAKIS, S. E.; BORCHERS, M.; BOUFFARD, G. G.; BROOKS, S. Y.; CALDAS, G. V. *et al.* The complete sequence of a human genome. **Science** 376, p. 44–53, 2022.

OPAS. **Rede Regional de Vigilância Genômica de COVID-19**. Representação da Organização Pan-Americana da Saúde e da OMS no Brasil, Brasília D.F., 2022. Disponível em: <https://www.paho.org/pt/node/4951/rede-regional-vigilancia-genomica-covid-19>. Acesso em: 12 Mar.2022.

OU, M.; MA, R.; CHEUNG, J.; LO, K.; YEE, P.; LUO, T.; CHAN, T. L.; AU, C. H.; KWONG, A.; LUO, R.; LAM, T. W. database.bio: a web application for interpreting human variations. **Bioinformatics**, 31, n. 24, p. 4035-4037, Dec 15 2015.

OZCAN, Z.; LUCAS, F. A. S.; WONG, J. W.; CHANG, K.; STOPSACK, K. H.; FOWLER, J.; JAKUBEK, Y. A.; SCHEET, P. Chromosomal imbalances detected via RNA-sequencing in 28 cancers. **Bioinformatics**, Jan 6 2022.

PEREIRA, R.; OLIVEIRA, J.; SOUSA, M. Bioinformatics and Computational Tools for Next-Generation Sequencing Analysis in Clinical Genetics. **Journal of Clinical Medicine**, 9, n. 1, Jan 3 2020.

REDDY, M. A. Bioinformatics-Key to Drug Discovery and Development. **Open Access Journal of Pharmaceutical Research**, 1, n. 5, p. 1-5, 2017.

SALZBERG, S. L.; WHITE, O.; PETERSON, J.; EISEN, J. A. Microbial Genes in the Human Genome: Lateral Transfer or Gene Loss? **Science**, 292, n. 5523, p. 903-1906, 2001.

SARMIENTO-RAMOS, J. L. Aplicaciones de las redes neuronales y el deep learning a la ingeniería biomédica. **Revista UIS Ingenierías**, 19, n. 4, p. 1-18, 2020.

SATYANARAYANA, U.; CHAKRAPANI, U. **Biochemistry**. 4 ed. Nova Delhi: Elsevier, 2013. 809 p. 978-81-312-3601-7.

SCHAFFER, J. S.; ECK, T. F.; HOLBEN, B. N.; ARTAXO, P.; DUARTE, A. F. Characterization of the optical properties of atmospheric aerosols in Amazonia from long-term AERONET monitoring (1993–1995 and 1999–2006). **Journal of Geophysical Research**, 113, n. D04204, p. 1 - 16, 2008.

SEREJO, F. C. Biomedicina a eterna profissão do futuro: Seremos extintos ou temos que evoluir? **NewsLab**, n. Panorama em Biomedicina, 2018.

SHARMA, V. Bioinformatics and its applications in environmental science and health and its applications in other disciplines. **UGC Care Journal**, 4, n. 1, p. 88-93, 2021.

SIMPSON, A. J. G.; REINACH, F. C.; ARRUDA, P.; ABREU, F. A.; ACENCIO, M.; ALVARENGA, R.; ALVES, L. M. C.; ARAYA, J. E.; BAIA, S.; BAPTISTA, C. S.; BARROS, M. H.; BONACCORSI, E. D.; BORDIN, S.; BOVÉ, J. M.; BRIONES, M. R. S.; BUENO, M. R. P.; CAMARGO, A. A.; CAMARGO, L. E. A.; CARRARO, D. M.; CARRER, H. *et al.* The genome sequence of the plant pathogen *Xylella fastidiosa*. **Nature**, 406, n. 6792, p. 151-159, 2000.

SINGH, R. H.; BROWN, S. J.; HALE, P. M.; NARLOW, K.; GURUNG, S.; SALVATORE, M. L.; TCHAMAKO, J. K. Using Informatics to Build a Digital Health Footprint of Patients Living With Inherited Metabolic Disorders Identified by Newborn Screening. **Journal of Public Health Management & Practice**, 28, n. 2, p. E340-E344, Mar-Apr 01 2022.

SOUZA, L. R.; COLONNA, J. G.; COMODARO, J. M.; NAVECA, F. G. Using amino acids co-occurrence matrices and explainability model to investigate patterns in dengue virus proteins. **BMC Bioinformatics**, 23, n. 1, p. 80, Feb 19 2022.

SWANTON, C., 2022, Paris. **Pathway Elucidated in Lung Cancer Caused by Air Pollution**. European Society for Medical Oncology. Disponível em: <https://www.esmo.org>
<https://dailynews.ascopubs.org/doi/pathway-elucidated-lung-cancer-caused-air-pollution>. Acesso em: October 31 2022.

VISIBELLI, A.; CICALONI, V.; SPIGA, O.; SANTUCCI, A. Computational Approaches Integrated in a Digital Ecosystem Platform for a Rare Disease. **Frontiers in Molecular Medicine**, 2, 2022.

WHO. **WHO global air quality guidelines: particulate matter (PM_{2.5} and PM₁₀), ozone, nitrogen dioxide, sulfur dioxide and carbon monoxide**. UN. Geneva, p. 300. 2021.

XU, Y.; NASH, K.; ACHARJEE, A.; GKOUTOS, G. V. CACONET: a novel classification framework for microbial correlation networks. **Bioinformatics**, Jan 4 2022.

YAMADA, T.; YAMADA, H.; MANI, M. **The Causal Effects of Long-Term PM_{2.5} Exposure on COVID-19 in India**. Policy Research Working Paper 9543. South Asia Region. 2021.

ZHAO, X.; YAN, H.; YAN, X.; CHEN, Z.; ZHUO, R. A Novel Prognostic Four-Gene Signature of Breast Cancer Identified by Integrated Bioinformatics Analysis. **Disease Markers**, 2022, p. 5925982, 2022.