Revista COOPEX (ISSN:2177-5052)

Desenvolvimento e solução de processos na parasitologia: a integração da bioinformática na medicina veterinária

Development and Process Solutions in Parasitology: The Integration of Bioinformatics in Veterinary Medicine

***Fernanda Rodrigues de Queiroz*[1]**
***Keila Tatiana Oliveira França Barros*[1]**
***Jullyana Duarte Martins da Silva*[1]**
***Thyago Araújo Gurjão*[2]**
***Stefani Silva Vicente*[1]**
***Adauto Graciano de Araujo Neto*[1]**
***Aline Carla de Medeiros*[3]**
***Francisco de Assys Romero da Mota Sousa*[2]**
***Larissa Silva Nelo Oliveira*[2]**
***Walter Henrique Cruz Pequeno*[2]**
***Patrício Borges Maracajá*[3]**

RESUMO: A bioinformática emergiu como uma ferramenta essencial no estudo de organismos parasitas, fornecendo ferramentas e métodos que facilitam a compreensão dos processos biológicos e o desenvolvimento de novas abordagens para o controle destes, combinando biologia com ciência da computação para analisar grandes volumes de dados biológicos. Na parasitologia, essa abordagem oferece novas perspectivas para o estudo de genomas parasitários, identificação de marcadores genéticos e compreensão das interações parasita-hospedeiro. Ferramentas como o sequenciamento de nova geração (NGS) e análise de big data facilitam a detecção precisa de parasitas e a identificação de resistência a medicamentos, promovendo tratamentos personalizados e eficazes. Além disso, a bioinformática permite a criação de bancos de dados completos e acessíveis, que armazenam informações sobre a diversidade genética de parasitas, vias metabólicas e mecanismos de patogenicidade. Esses bancos de dados são essenciais para o desenvolvimento de vacinas, diagnósticos precisos e novas terapias antiparasitárias. A análise computacional também permite obter informações sobre a disseminação de parasitas e prever surtos, contribuindo para estratégias de controle e prevenção mais eficientes. A aplicação da bioinformática na parasitologia veterinária acelera a pesquisa científica e tem implicações diretas na prática clínica. Veterinários podem usar essas tecnologias para tomar decisões assertivas sobre o manejo de parasitas em animais de produção e de companhia, melhorando a saúde e a produtividade do animal. Este artigo enfatiza a importância da utilização da bioinformática a fim de enfrentar desafios na parasitologia veterinária. A sinergia entre essas áreas promete avanços significativos na compreensão e combate às doenças parasitárias, promovendo uma prática veterinária mais sustentável e eficaz.

Palavras-chave: Parasita. Ferramentas da bioinformática. Pesquisa científica.

ABSTRACT: Bioinformatics has emerged as an essential tool in the study of parasitic organisms, providing tools and methods that facilitate the understanding of biological processes and the development of new approaches to control them, combining biology with computer science to analyze large volumes of biological data. In parasitology, this approach offers new perspectives for the study of parasite genomes, identification of genetic markers and understanding parasite-host interactions. Tools such as next-generation sequencing (NGS) and big data analysis facilitate accurate parasite detection and identification of drug resistance, promoting

[1]Discentes Faculdade Rebolças de Campina Grande – PB – Brasil
[2]Docentes Faculdade Rebolças de Campina Grande – PB – Brasil
[3]Docentes UFCG - PPGGSA/CCTA/Pombal /PB – Universidade Federal de Campina Grande – PB – Brasil e UNIFIP – Centro Universitario de Patos – PB - Brasil

personalized and effective treatments. Furthermore, bioinformatics allows the creation of complete and accessible databases, which store information about the genetic diversity of parasites, metabolic pathways and pathogenicity mechanisms. These databases are essential for the development of vaccines, accurate diagnostics and new antiparasitic therapies. Computational analysis also allows us to obtain information about the spread of parasites and predict outbreaks, contributing to more efficient control and prevention strategies. The application of bioinformatics in veterinary parasitology accelerates scientific research and has direct implications for clinical practice. Veterinarians can use these technologies to make assertive decisions about the management of parasites in production and companion animals, improving the animal's health and productivity. This article emphasizes the importance of using bioinformatics in order to face challenges in veterinary parasitology. The synergy between these areas promises significant advances in understanding and combating parasitic diseases, promoting a more sustainable and effective veterinary practice

Keywords: Parasite. Bioinformatics tools. Scientific research.

DOI: 10.61223/coopex.v15i3.990

INTRODUÇÃO

A bioinformática é compreendida como o estudo das formas de utilização de técnicas matemáticas e computacionais para o processamento e gerenciamento da bioinformação (Araújo *et al*., 2008), surgiu da necessidade de sequenciar genomas de organismos e sua ascensão se deu juntamente com o avanço tecnológico, como um recurso para avaliar redes de interação proteica. As relações entre várias áreas de conhecimento proporcionam progresso nos estudos devido à troca de informações de dados biológicos com os processos computacionais em interações constantes (Santos e Panhan2023. Para a construção dessas redes, parte-se de um conjunto de dados com informações de interação entre as proteínas e acrescenta-se uma série de camadas de dados, visando a mineração de novas informações que possam surgir da associação entre eles (Guimarães, 2017).

A capacitação em bioinformática nos estudos de graduação em ciências agrárias pode abrir caminhos promissores para estudantes recém-formados (Pacola e Sartori 2019). A demanda por uma variedade de cursos focados em bioinformática, de níveis introdutórios a avançados, continua crescendo (Elixir, *et al*., 2021). Isso acontece em decorrência dos rápidos avanços tecnológicos em técnicas experimentais e a evolução de ferramentas e recursos de bioinformática necessários para gerenciar e analisar as vastas quantidades de dados que estão sendo produzidos (Kallioniemi *et al*., 2011).

A adaptação e os avanços tecnológicos, em especial na área de Ciências da Saúde, vem se tornando uma prioridade com intuito de promover a criação de programas analíticos capazes de armazenar complexas sequências de genes, nas últimas décadas. Desse modo, em pouco tempo, a informática tornou-se uma peça crucial nos estudos biológicos, abrindo novas

fronteiras para análises genômicas e proteômicas. Em resumo, a bioinformática pode ser definida como área de estudo da aplicação de técnicas computacionais e matemáticas em conjunto, para a geração e gerenciamento de bioinformação (Lesk, 2008; Santos et al. 2023).

É indiscutível que a combinação entre informatização e biologia moderna desempenhou um papel importante no nascimento deste novo campo da ciência. Porém, demorou muito para que o surgimento da bioinformática se tornasse realidade e deixasse de ser uma novidade. Embora a estrutura do DNA tenha sido descoberta pelos ingleses Watson e Crick em 1953 (Griffith *et al*., 2006), tivemos que esperar até meados da década de 1980 para que fosse desenvolvida uma máquina automatizada com lente de aumento, boa o suficiente para ler grandes quantidades do código genético contido nas biomoléculas (Santos et al. 2022). A computação, também foi importante a revolução tecnológica para produzir computadores que pudessem armazenar cada vez mais dados e processar mais rapidamente a custos mais baixos.

A bioinformática é um dos campos mais avançados da ciência, também conhecida como biologia molecular computacional, a palavra sugere uma ponte entre a biologia e a tecnologia da informação (Araújo, 2008; Soletti, 2015) . A bioinformática é uma ferramenta poderosa em design experimental, que tenta fazer previsões sobre funções biológicas a partir de dados em sequência (Sanger e Coilson, 1975). (Kaikabo e Kalshingi, 2007) relataram que a bioinformática avançou no curso da pesquisa e no desenvolvimento de futuras vacinas veterinárias porque forneceu novas ferramentas para identificação de alvos de vacinas a partir de dados biológicos sequenciados de organismos.

(Bewaji, 2003) definiu ainda a bioinformática como sendo a aplicação da tecnologia da informação ao domínio da biologia. Esta, consolidou-se como uma nova área do conhecimento graças à grande necessidade do desenvolvimento de programas computacionais que permitam reconhecer sequências de genes; predizer a configuração tridimensional de proteínas; identificar inibidores de enzimas; organizar e relacionar informações biológicas; agrupar proteínas homólogas; estabelecer árvores filogenéticas; analisar experimentos de expressão gênica, entre outros (Cattley, 2007) e tem contribuído não apenas para avanços na pesquisa básica, mas também na ciência, promovendo elucidação das bases moleculares envolvidas em importantes eventos celulares e garantindo sua aplicação direta em variados setores da sociedade contemporânea. A identificação de alvos proteicos com potencial de modificação direta pela interação com fármacos, poderá reduzir sintomas ou causas de uma doença (Somogyi, 2001 & Haupl *et al*., 2004). A identificação de moléculas que podem atuar como princípio ativo na formulação de produtos terapêuticos, inibindo ou acelerando reações bioquímicas, poderá resultar em efeitos sobre a cura ou atenuação da doença. Na década de 90,

as grandes multinacionais do setor farmacêutico focaram seus esforços na seleção de potenciais moléculas, visando à produção de novos medicamentos na área médica ou mesmo na agropecuária (Watkins *et al*., 2001).

De acordo com Kaikabo e Kalshingi (2007), na pesquisa veterinária, ferramentas de bioinformática poderiam ser usadas para gerar dados biológicos para pesquisa, recuperar e analisar dados biológicos, prever e identificar proteínas em uma sequência e também tem aplicação laboratorial. Na pesquisa veterinária, ferramentas de bioinformática foram utilizadas na detecção de novas patologias. Kumar (2003) utilizou uma abordagem bioinformática para identificar epítopos antigênicos da glicoproteína G do vírus da raiva, que poderiam ser usados para desenvolver uma vacina de subunidade anti-rábica.

Aminov *et al*., (2001) relatam a ecologia molecular da resistência à tetraciclina: desenvolvimento e validação de primers para detecção de genes de resistência à tetraciclina que codificam proteínas de proteção ribossomal. Esta foi a primeira demonstração da aplicabilidade de técnicas de ecologia molecular para estimativa do fluxo de genes com resistência a antibióticos em produção.

A bioinformática permite a identificação precisa e a caracterização de parasitas através da análise de sequências de DNA e RNA, o que facilita estudos filogenéticos, possibilitando um entendimento aprofundado das relações evolutivas entre diferentes espécies de parasitas (Gajria *et al*., 2008). Ferramentas moleculares, como a PCR (Polymerase Chain Reaction), têm sido fundamentais no desenvolvimento de diagnósticos moleculares, aumentando a sensibilidade e especificidade na detecção de parasitas e na identificação de resistência a medicamentos (Akopyants *et al*., 2004; Maia et al 2008; Mariano, 2021).

A análise de expressão gênica via transcriptômica é essencial para compreender as complexas interações entre parasitas e seus hospedeiros, permitindo a predição de proteínas e a identificação de novos alvos terapêuticos (Robinson e Dalton, 2009; Rodrigues, 2017;). A triagem virtual de compostos químicos e a modelagem computacional são métodos utilizados para descobrir novos medicamentos, enquanto a bioinformática auxilia no design de vacinas baseadas em dados genômicos, identificando antígenos potenciais (Sacco *et al*., 2020).

A metagenômica possibilita o estudo de comunidades microbianas associadas a parasitas, fornecendo insights valiosos sobre a ecologia e a diversidade desses organismos, essencial para compreender a dinâmica das infecções parasitárias (Illingworth, 2019). A epidemiologia genômica utiliza dados genéticos para rastrear a propagação de parasitas, facilitando o controle de surtos. Ferramentas de bioinformática espacial ajudam a mapear a distribuição geográfica de parasitas, auxiliando na implementação de medidas de controle

(Brito *et al*., 2021). Projetos de genômica têm contribuído significativamente para o desenvolvimento de vacinas contra *Eimeria spp*., um parasita que causa coccidiose em aves, através da identificação de genes de resistência e estratégias de controle mais eficazes (Bellgard *et al*., 2012). Além disso, a utilização de RNAi (RNA de interferência) em Fasciola hepática revelou novos alvos terapêuticos, como a proteína cathepsina-L, que é crucial para a invasão do hospedeiro (Mcgonigle *et al*., 2008).

METODOLOGIA

Para a construção do presente artigo, foram realizadas pesquisas na comunidade científica, utilizando como banco de dados o Google Acadêmico, PubMed, Sci-hub, além de artigos encontrados no Academic Journals, Jornal Brasileiro de Pesquisa Veterinária e Ciência Animal. Tendo em vista os meios de pesquisa, não foram utilizados restrição de idiomas os quais a maioria dos artigos pesquisados foram lidos em inglês, espanhol e francês. Foram excluídos artigos e notícias incompletos de fontes de baixa confiabilidade e que fugissem do tema, elencados os árticos foi efetuada uma revisão da literatura acerca da integração da biotecnologia e da parasitologia no desenvolvimento de estudos e solução de processos.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados deste estudo destacam a importância da bioinformática na parasitologia veterinária, evidenciando avanços significativos no diagnóstico, tratamento e controle de parasitas. A aplicação de ferramentas bioinformáticas permitiu a identificação precisa de parasitas e resistências a medicamentos, além de facilitar a análise de interações entre parasitas e hospedeiros, e o estudo de comunidades microbianas através da metagenômica.

A relevância da abordagem repercute quando tange um efeito eficiente implementado no manejo sanitário dos animais quando envolvido junto a projetos de pesquisa. Com isso a repercussão da introdução da bioinformática na agricultura e na produção de animais vem sendo possível facilitar todo o manejo com mais precisão e exatidão.

Na busca de soluções, vem sendo posto em evidencia a enorme problemática das

doenças parasitárias e a consequente importância dos nematoides gastrintestinais como sendo um fator criterioso no comércio e criação de pequenos ruminantes, a Biotecnologia disponibiliza ferramentas promissoras as quais podem auxiliar no desenvolvimento de novas tecnologias para o controle desses parasitas.

A integração da bioinformática na epidemiologia genômica e espacial auxiliou no rastreamento e controle de surtos parasitários, com estudos de caso mostrando a eficácia de vacinas desenvolvidas contra *Eimeria spp*., e a utilização de RNAi em Fasciola hepatica. Esses avanços proporcionam uma compreensão mais profunda das infecções parasitárias e promovem o desenvolvimento de novas terapias. A capacitação contínua de profissionais em bioinformática e a expansão dos estudos metagenômicos e de epidemiologia genômica são essenciais para enfrentar desafios emergentes e promover avanços contínuos na medicina veterinária. A bioinformática promete transformar a abordagem tradicional, oferecendo soluções inovadoras e sustentáveis para a saúde animal e a produção agropecuária.

CONCLUSÃO

A bioinformática é uma ferramenta indispensável na parasitologia veterinária, pois facilita avanços significativos no diagnóstico, tratamento e controle de parasitas. Este estudo demonstrou como a aplicação de técnicas computacionais e matemáticas aprimoram a saúde animal e a sustentabilidade agropecuária. Deste modo, torna-se essencial o desenvolvimento de novas ferramentas de bioinformática voltadas para a análise de dados genômicos e proteômicos, visando a identificação de novos alvos terapêuticos e a criação de vacinas mais eficazes. Também é necessário expandir os estudos de metagenômica e epidemiologia genômica para melhor compreensão das interações parasita-hospedeiro e a dinâmica das infecções parasitárias. Além disso, a capacitação contínua de profissionais veterinários em bioinformática é crucial para enfrentar desafios emergentes e promover avanços constantes na medicina veterinária. Dessa forma, podemos garantir a aplicação efetiva dessas tecnologias no combate a doenças parasitárias, assegurando uma produção agropecuária mais sustentável e eficiente.

REFERÊNCIAS

Akopyants, N.S., et al. (2004). Application of microarray for protozoan parasites detection. Trends in Parasitology.

Ambudkar SV, Dey S, Hrycyna CA, Ramachandra M, Rastan I, Grottersman MM (1999). Biochemical Cellular and Pharmacological aspects of the multidurg transporter. Ann. Rev. Pharmacol. Toxicol. 39: 361-398.

Araújo, N. D., de Farias, R. P., Pereira, P. B., de Figueirêdo, F. M., de Morais, A. M. B., Saldanha, L. C., & Gabriel, J. E. (2008). A era da bioinformática: seu potencial e suas implicações para as ciências da saúde. *Estudos de biologia*, *30*(70/72).

Bellgard, M.I., et al. (2012). Genome sequencing of Rhipicephalus microplus. International Journal of Tropical Insect Science.

Bewaji CO (2003). Bioinformatics and Computational Molecular Biology Techniques Manual 2003 UNAAB, Summer Course in Practical Biotechnology. University of Agriculture Abeokuta, Nigeria. 28 th July1 st August; 1-5.

Brito, R., et al. (2021). Genomic epidemiology of parasitic infections: opportunities and challenges. PLOS Pathogens.

Cattley S, Arthur JW. BioManager: the use of a bioinformatics web application as a teaching tool in undergraduate bioinformatics training. Brief Bioinform. 2007;8(6):457-65.

Araújo, N. D., de Farias, R. P., Pereira, P. B., de Figueirêdo, F. M., de Morais, A. M. B., Saldanha, L. C., & Gabriel, J. E. (2008). A era da bioinformática: seu potencial e suas implicações para as ciências da saúde. Estudos de biologia, 30(70/72), https://doi.org/10.7213/reb.v30i70/72.22819

Elixir Training Strategy Committee. (2021). Recommendations for a coordinated approach to bioinformatics user training in Europe. http://www.elixireurope.org/bcms/elixir/ Documents/reports/WP11-Training_Strategy_Committee_ Report.pdf (26 August 2021, date last accessed).

Gajria, B., et al. (2008). ToxoDB: an integrated Toxoplasma gondii database resource. Nucleic Acids Research.

Griffith A, Muller JF, Suzuki JH, Lewontin RC, Gelbart WM, Wessler SR. Introdução à genética. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan; 2006.

Guimarães, F. G. (2017). Integração de dados de expressão gênica e proteômica em redes de interação proteína-proteína de Trypanosoma cruzi (Doctoral dissertation). https://www.arca.fiocruz.br/handle/icict/19538

Haupl T, Krenn V, Stuhlmüller B, Radbruch A, Burmester G. Perspectives and limitations of gene expression profiling in rheumatology: new molecular strategies. Arthritis Res Therapy. 2004;6(4):140-6.

Herzel H, Beule D, Kielbasa S, Korbel J, Sers C, Malik A, et al. Extracting information from cDNA arrays. Chaos. 2001;11:98-107.

Kaikabo AA, Kalshingi HA (2007). Concepts of bioinformatics and its applications in veterinary research and vaccines development. Nigerian Vet. J.28(2): 39-46.

Kallioniemi, O., Wessels, L., & Valencia, A. (2011). On the organization of bioinformatics core services in biology-based research institutes. Bioinformatics 27(10), 1345. https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btr125

Kumar D (2003). Identification of promiscuous MHC Class-1 and MHC Class-11 binding epitopes of rabies virus glycoprotein. Unpublished Ph.D. Thesis submitted to Deemed University, Indian Veterinary Research Institute, Lzatnagar (UP)-243122; 1-49.

Kwaga JKP, Kabir J (1999). Basic principles of Genetic Engineering and Applications in Veterinary Medicine. Nigerian Vet. J. Vol. 20(2):17- 33.

Lesk, A. M., Introdução à bioinformática. Porto Alegre: Artmed; 2008.

Maia, A. C. R. G., Felga, J. E., Rodrigues, A. F. S. F., & Vasconcelos, E. G. (2008). A descoberta de novas biomoléculas em parasitos de importância em saúde pública e medicina veterinária: uma ação multidisciplinar. *CES Revista*, *22*(1), 31-40.

Mariano, D., Dezordi, F. Z., Martins, P., Xavier, J., de Jesus Sousa, T., Lima, L., & Santos, L. H. (2021). *BIOINFO–Revista Brasileira de Bioinformática e Biologia Computacional*. Alfahelix Publicações.

McGonigle, L., Mousley, A., Marks, N. J., Brennan, G. P., Dalton, J. P., Spithill, T. W., ... & Maule, A. G. (2008). The silencing of cysteine proteases in Fasciola hepatica newly excysted juveniles using RNA interference reduces gut penetration. *International journal for parasitology*, *38*(2), 149-155.

Rodrigues, B. S. D. S. L. . Identificação de proteínas antigênicas e diferencialmente abundantes em Leishmania (Leishmania) amazonensis, L.(Viannia) braziliensis e L.(L.) infantum. Tese de Doutorado apresentada ao programa de Pós-Graduação em Parasitologia do Instituto de Ciências Biológicas da Universidade Federal de Minas Gerais – Belo Horizonte MG 2017.

Pacola, L. W., & Sartori, R. (2024). PROCESSO DE INOVAÇÃO: ESTUDO DE CASO DO HACKATHON AGRO TECH 2019 NO MUNICÍPIO DE UMUARAMA PR. *Revista Scientia Alpha*, *1*(1).

Pongor S, Landsman D (1999). Bioinformatics and the developing world Biotechnology and Development Monitor. 40:10-13.

Robinson, M.W., & Dalton, J.P. (2009). Zoonotic helminths infections: fasciolosis impact on

animal health. Parasitology.

Santos F., & Panhan16, A. M. (2023). A integração da IOT com a RFID para sistemas de pedágios. *Entre caminhos: reflexões sobre educação, arte, ciência e*, 91.

Santos, E. B., Dos Santos, J. C., de Souza, M. F., Brunetta, G. M., de Melo Gomes, M. G., & Santana, R. R. C. (2023, August). A perspectiva inclusiva sobre o médico veterinário com deficiência visual. In *Anais Colóquio Estadual de Pesquisa Multidisciplinar (ISSN-2527-2500) & Congresso Nacional de Pesquisa Multidisciplinar*.

Sacco, R.E., et al. (2020). Computational approaches for vaccine and drug development against parasites. Veterinary Parasitology.

Sanger F, Coulson AR (1973). A rapid method for determining sequences in DNA by primed synthesis with DNA polymerase J. Mol. Biol. 94: 444-448.

SANTOS, C. R. .; SANTOS, A. B. dos .; SANTOS, T. F. .; MACHADO, L. D. .; SANTOS, H. O. .; LEÃO , J. C. .; SANTOS, E. M. S. . Scientific initiation in the bioinformatics era: overcoming challenges in times of pandemic. **Research, Society and Development**, *[S. l.]*, v. 11, n. 3, p. e7511325852, 2022. DOI: 10.33448/rsd-v11i3.25852. Disponível em: https://rsdjournal.org/index.php/rsd/article/view/25852. Acesso em: 19 aug. 2024.

Somogyi R, Greller LD. The dynamics of molecular networks: applications to therapeutic discovery. Drug Discov Today. 2001;6(24):1267-77.

Watkins SM, Hammock BD, Newman JW, German JB. Individual metabolism should guide agriculture toward foods for improved health and nutrition. Am J Clin Nutr. 2001;74(3):283-6.

Soletti, Leonardo Veronese. **Um modelo de workflow científico para o refinamento da estrutura 3D aproximada de proteínas**. Dissertação de Mestrado. Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul.. 2015.