



A BIOINFORMÁTICA E O DESENVOLVIMENTO COMPUTACIONAL DE CÉLULAS

SILVESTRE, Zenilda Gueiros¹; DE PAULA, José Edgleyson Ferreira²; DE MELO,
Josevaldo Araújo³

RESUMO

Introdução: Bioinformática é um campo relativamente novo que combina conhecimentos orgânicos com a computação, visando processar e interpretar dados biológicos através do desenvolvimento de programas computacionais. Assim, é uma das áreas que mais cresce no cenário científico. Nesse ínterim, a modelagem computacional de células e a simulação da dinâmica celular é uma conquista a ser discutida. **Objetivo:** Fazer uma revisão de literatura sobre a utilização de softwares para simular modelos celulares. **Material e métodos:** Foi feita uma busca nas plataformas “Google Acadêmico” e “SciELO” usando os seguintes descritores: “Bioinformática”, “Simulação de células” e “Softwares na Biologia Molecular”. Critérios de inclusão: artigos escritos em língua inglesa ou portuguesa que abordassem conquistas da bioinformática no desenvolvimento computacional de células. **Resultados:** Considera-se o nascimento da bioinformática em 1995, quando o primeiro genoma de uma bactéria foi publicado. Desde então, computadores são fundamentais para estudo das redes gênicas (como um ligante externo que faz um gene produzir uma proteína, que ativa outro gene, que produz outra proteína e assim sucessivamente), sequenciamento (como o sequenciamento do genoma humano) e simulação de modelos celulares. Quando se estuda uma célula, deve-se compreender toda sua complexidade, pois se trata de diversos subsistemas atuando em conjunto para possibilitar todas as funções que sustentam a vida da célula, portanto, o modelo computacional auxilia na organização e processamento de toda dinâmica gênica e bioquímica. Um exemplo prático é o processo de evolução tumoral, marcado por seleções de mutações e expansões clonais que podem ser exploradas de forma matemática e estatística, com a disponibilidade de dados genômicos e o desenvolvimento de simulações computacionais. **Conclusão:** Em síntese, a modelagem computacional de células tem grande potencial de aplicação e já contribui de maneira significativa com as pesquisas na área de biologia molecular. Espera-se que a divulgação dos resultados deste trabalho desperte o interesse para o desenvolvimento e utilização de novos softwares para pesquisas na área de biologia molecular.

Palavras-chave: bioinformática, biologia computacional, células, modelagem computacional.

¹ Universidade de Pernambuco, Garanhuns. zenildagueirossilvestre@gmail.com.

² Universidade de Pernambuco, Garanhuns. edgleyson.2013@gmail.com.

³ Universidade de Pernambuco, Garanhuns. josevaldoamelo@yahoo.com.br.