



de Bioinformática – LMB ([www.lmb.cnptia.embrapa.br](http://www.lmb.cnptia.embrapa.br)). Como exemplo adicional, algumas empresas especializadas em genômica, como a BGI ([www.genomics.cn](http://www.genomics.cn)), empregam centenas de bioinformatas e investem muito (muito mesmo!) em seu parque computacional.

Sabemos que muita informação biológica pode ser gerada com as novas tecnologias de high throughput, que grande parte dessas informações está relacionada a microrganismos e que existe demanda crescente por bioinformática e infraestrutura computacional, mas o que pode ser feito com estas informações? Como exemplo, a genômica de microrganismos pode auxiliar na seleção de microrganismos para limpeza de lixo (incluindo áreas com resíduos radioativos), na mitigação de efeitos de mudanças climáticas e ainda na busca de fontes alternativas de energia.

Para termos uma ideia do que já foi investido em genômica de microrganismos, na base de dados *Genome*, do NCBI ([www.ncbi.nlm.nih.gov](http://www.ncbi.nlm.nih.gov)), constam 2.220 entradas de Eucariotos, 3.286 de Vírus e 14.833 de procariotos (bactérias) (acesso em 13/11/2012). Dos Eucariotos, 159 possuem cromossomos descritos (destes temos 57 animais, 50 fungos e 24 plantas), e 3114 dos vírus e 2511 dos procariotos possuem genoma completo. Em comparação a animais e plantas, microrganismos possuem genomas menores e mais simples, fator que deve ser considerado na interpretação destes números, mas a menor complexidade na montagem destes genomas não significa menor importância dos trabalhos, ressaltando que estamos falando de muitos milhares de reais.

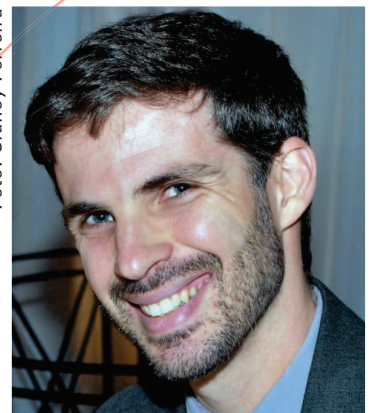
Existem bases de dados especializadas em microrganismos, como a *Microbial Genomes* ([www.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/MICROBES/microbial\\_taxtree.html](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/MICROBES/microbial_taxtree.html)), e uma grande variedade de portais e ferramentas que podem ser utilizados na análise destes dados, como EBI ([www.ebi.ac.uk](http://www.ebi.ac.uk)), KEGG ([www.genome.jp/kegg](http://www.genome.jp/kegg)), ExPASy ([www.expasy.org/](http://www.expasy.org/)), *Gene Ontology* ([www.geneontology.org](http://www.geneontology.org)), UniProt ([www.uniprot.org](http://www.uniprot.org)) e BioCyc ([biocyc.org](http://biocyc.org)).

Na Embrapa Agroenergia foi criado o Laboratório de Bioinformática em Bioenergia (LBB), sob responsabilidade do autor. O LBB, em estruturação, visa à execução de análises avançadas e o suporte à demanda desta unidade por Bioinformática (plantas e microrganismos). No caso de microrganismos, isto significa principalmente: 1. estratégia de sequenciamento e montagem de genomas (cromossomos e plasmídeos); 2. anotação de estruturas genômicas (identificação e classificação, por similaridade ou *ab initio*); 3. anotação de vias metabólicas; 4. comparação de organismos (genomas, vias metabólicas, expressão diferencial de transcriptoma); 5. análises filogenéticas; 6. integração de resultados de “ômicas”, como genômica, transcriptômica, metabolômica e metagenômica, além de 7. disponibilização

de informações e ferramentas personalizadas, como busca de similaridade (BLAST - [blast.ncbi.nlm.nih.gov](http://blast.ncbi.nlm.nih.gov)) e visualização de genoma (GBrowse - [gmod.org/wiki/GBrowse](http://gmod.org/wiki/GBrowse)).

Em suma, os microrganismos são essenciais à vida na Terra e estudá-los a fundo é muito importante para o avanço da ciência. Muitas questões sérias podem vir a ser respondidas por pesquisas avançadas com microrganismos, e boa parte dessas pesquisas envolve geração de informações biológicas em grande quantidade. Para viabilizar a utilização destes dados, a bioinformática, associada a bons parques computacionais, é imprescindível. Sendo assim, o Laboratório de Bioinformática em Bioenergia (LBB) fornecerá suporte e análises avançadas em Bioinformática a estudos de microrganismos, que visam a solucionar alguns dos desafios da Embrapa Agroenergia, que estão entre os grandes desafios do Brasil. ◆

Foto: Sidney Ferreira



\*Possui graduação em Engenharia Agrônoma (ESALQ/USP - 1998), mestrado em Ciências (CENA/ESALQ/USP - 2002) e doutorado em Biologia Funcional e Molecular (IB/UNICAMP - 2006). Atua em Bioinformática desde o início do mestrado, em 1999 (Projeto Genoma /*Xylella fastidiosa*), com experiência principalmente nos temas: montagem, mineração, anotação, genômica, marcadores moleculares, SNPs, genotipagem, transportadores e elementos transponíveis.