O USO DA BIOINFORMÁTICA NA COVID LONGA: EXPLORANDO OS ENIGMAS DA INFLAMAÇÃO E SUAS IMPLICAÇÕES NA SAÚDE HUMANA

Vinicius do Prado Ventorim[1]*; Giulia Maria Giacinti[1]; Aléxia Stéfani Siqueira Zetum[1]; Matheus Correia Casotti[1]; Danielle Ribeiro Campos da Silva[1]; Débora Dummer Meira[1]; Iúri Drumond Louro[1]

(1) Universidade Federal do Espírito Santos - UFES *e-mail para correspondência: vinicius_ventorim@hotmail.com.

Ciências Biológicas - Saúde Humana

O vírus Sars-Cov-2, surgiu em 2019 na China e desencadeia até os dias atuais inúmeros mistérios sobre as causas e consequências da COVID-19. Esta doença se apresenta em estado agudo com chances de evoluir para quadros crônicos. Nesse contexto, atualmente, a saúde pública brasileira enfrenta a COVID Longa, que por definição se caracteriza por distúrbios multissistêmicos oriundos da infecção do vírus de COVID-19. A partir da virulência do patógeno, a rede inflamatória pode ser comprometida e desenvolver um estado clínico duradouro. O sistema imunológico tem como resposta a inflamação, e o seu descontrole pode ocasionar inúmeras complicações nos sistemas correlatos, como o cardiorrespiratório. Sendo assim, para explicar melhor as evoluções crônicas e os desfechos clínicos, a Bioinformática promove a tecnologia conhecida como teoria dos grafos, o qual permite elaborar interações entre genes e vias associadas. Hoje, às observações das bases moleculares e agentes homeostáticos, como interleucinas (ILs), não são vistas mais isoladamente. Com esse conhecimento em mãos, as redes de interações gênicas são formadas, a fim de compreender as reais interferências nas vias e seus danos. Estudos apresentam que mutações no gene do Receptor do Fator de Crescimento Epidérmico (*EGFR*) geram um ciclo de produção de IL-6, por meio da ativação da via JAK/STAT, responsável por ser o fator de transcrição de interleucinas pró-inflamatórias, como a IL-6. O seu acúmulo está associado à inflamação crônica presente no câncer pulmonar, o que nos permite interligar/correlacionar com o desenvolvimento de sequelas cardiorrespiratórias, visto em pacientes com COVID Longa. Então, absorver as noções das interações gênicas, através do uso da Bioinformática, são essenciais para a criação de novos fármacos, com aplicações bioquímicas personalizadas e menos danosas à saúde humana, área conhecida como Farmacologia de Rede. Um exemplo está no uso do medicamento nimotuzumabe, o qual é usado para inibir a atuação do EGFR e sua resposta pró-inflamatória em pacientes com COVID-19. Da mesma forma, estudos demonstram que a inibição da via EGFR/P13K/AKT/GSK-3beta está relacionada com a redução de aterosclerose em ratos, após lesão aórtica com aumento de IL-6 e redução de IL-10 (citocina anti-inflamatória). À medida que a Medicina Personalizada avança, a Bioinformática torna-se crucial para compreender as doenças crônicas, considerando as particularidades individuais e o perfil genético dos pacientes. Isso marca o início de uma promissora jornada científica na Biotecnologia, onde tecnologia e ciência se unem para aprimorar a saúde humana.

Palavras-chave: SARS-Cov-2. Sequelas. EGFR. Interações. Fármaco.