

Inovação portuguesa acelera estudos e baixa custos na saúde



Dinheiro Vivo 04.08.2020

Solução tecnológica permite aceder a dados genéticos 5 vezes mais rápido e poupar 75% no seu espaço de armazenamento.

Poder aceder a material genético para estudo mais rapidamente e, ao mesmo tempo, poupar muito espaço no seu armazenamento é a solução inovadora dos investigadores Vinicius Vielmo Cogo e Alysson Neves Bessani (LASIGE – Faculdade de Ciências da Universidade de Lisboa) e João Tiago Paulo do Instituto de Engenharia de Sistemas e Computadores, Tecnologia e Ciência – (INESC TEC) e Universidade do Minho.

Através da tecnologia agora divulgada, os três investigadores dizem conseguir poupar 75% do espaço de armazenamento em dados da sequenciação de genomas humanos e aceder aos dados cinco vezes mais rápido.

E por que é relevante? “Porque permite aos hospitais e biobancos economizar no armazenamento de dados, ao mesmo tempo que possibilita aos investigadores lerem esses dados de forma mais rápida”, referem numa nota da Faculdade de Ciências da Universidade de Lisboa.

Os biobancos e os hospitais são responsáveis por guardar e distribuir milhões de amostras biológicas humanas para investigadores de todo o mundo e, atualmente, estão sob pressão para, também, armazenar os dados genómicos sequenciados a partir destas amostras.



A solução desenvolvida por três instituições académicas combina uma nova técnica de deduplicação de dados baseado em semelhanças e padrões encontrados nos ficheiros de sequenciação de genomas humanos e uma codificação das alterações para a recuperação desses dados.

“Substitui-se, assim, a descrição completa dos dados genómicos sequenciados por pequenos apontadores descrevendo- se, apenas, as alterações necessárias para a recuperação dos dados originais, reduzindo proporcionalmente o espaço e o custo de armazenamento”.

Esta solução foi publicada na revista IEEE Transactions on Computers, uma das mais reconhecidas revistas científicas da área de informática no mundo a 14 de maio. Num futuro próximo, os investigadores pretendem disponibilizar a solução em código aberto e melhorar os resultados obtidos através de estudos mais aprofundados sobre os padrões e semelhanças entre genomas humanos sequenciados. Este método será também adaptado na sequenciação de genomas de outras espécies, para outras máquinas de sequenciação e outras representações de dados relacionadas, explica a Faculdade de Ciências da Universidade de Lisboa.