BIOFLOW

Inteligência computacional para pesquisa biomédica

Conecte literatura, dados biológicos e análises em uma investigação que sua equipe pode revisar e continuar.

Para pesquisadores, professores, estudantes e laboratórios



O que muda no trabalho da equipe

Pesquisa

Relacionar literatura e entidades biológicas. Registrar achados, hipóteses e lacunas.

Ensino e formação

Explorar uma pergunta científica e aprender a conferir fonte, trecho e suporte da afirmação.

Laboratórios e P&D

Manter materiais e resultados por frente. Retomar decisões e preparar briefs para discussão.

A unidade de trabalho é a frente de pesquisa dentro de um workspace.

Uma pergunta orienta a investigação

Quais evidências relacionam KRAS G12C à resposta e à resistência terapêutica em câncer de pulmão?

Delimitar

Contexto tumoral, tratamento, organismo e período.

Investigar

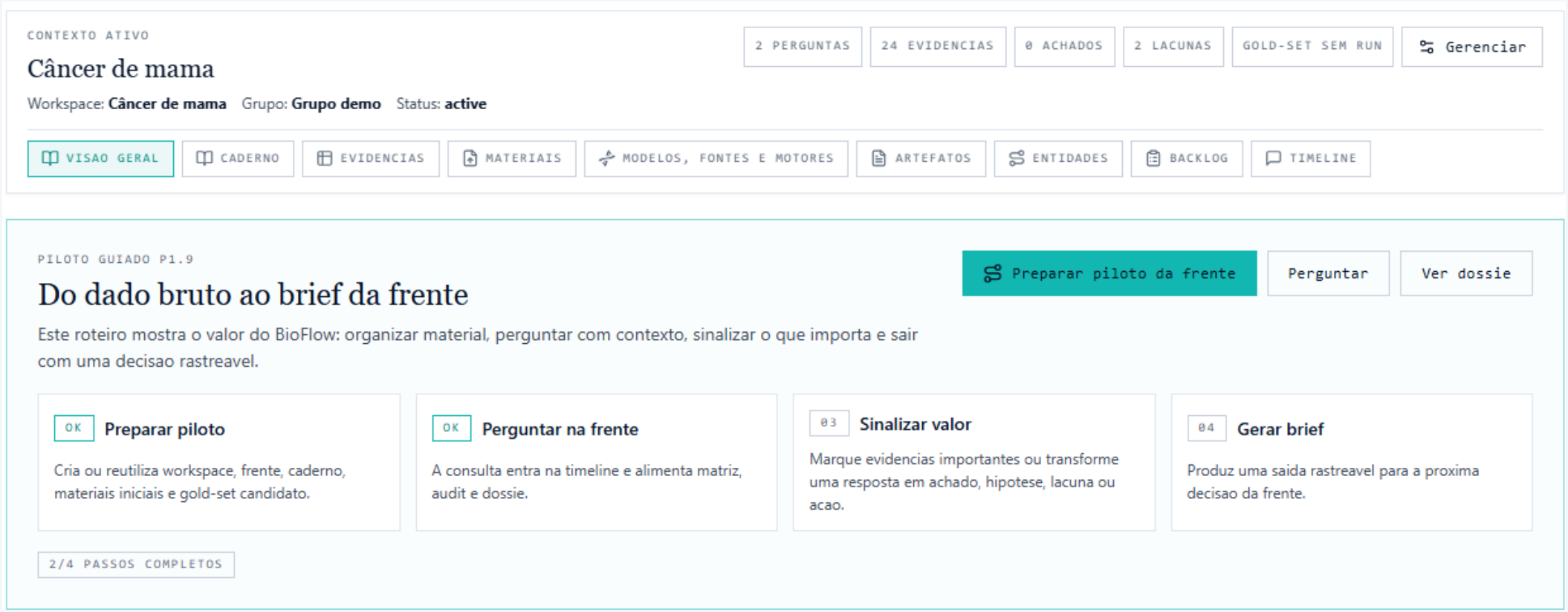
Fontes autorizadas e evidências que sustentam ou tensionam a relação.

Revisar

Qualidade do suporte, divergências e próxima análise necessária.

Pergunta de trabalho para avaliação do produto. A conclusão depende das fontes e da revisão científica.

Uma frente reúne o contexto da pesquisa



Interface do MVP. Caderno, materiais, evidências, entidades e artefatos compartilham a mesma frente.

Da pergunta à entrega revisável

1

Contexto

Pergunta, entidades e materiais permitidos.

2

Recuperação

Registros, trechos e resultados com origem.

3

Síntese

Resposta ligada às evidências recuperadas.

4

Curadoria

Achados, hipóteses, lacunas e próximas ações.

Entrega: dossiê, matriz de evidências e relatório com referências.

Como a evidência chega à resposta

Pergunta + entidades + sequência opcional

IDs canônicos

Correspondência por GeneID, accession e outros IDs.

Busca textual

Termos e expressões no catálogo indexado.

Busca semântica

Proximidade entre a pergunta e os trechos.

BLAST+

Similaridade contra uma base de sequências.

Evidências recuperadas

Síntese com LLM e verificação de suporte

Fontes com papéis diferentes

Domínio	Fontes	O que entra
Genes e proteínas	NCBI Gene / UniProt	Registros e contexto funcional
Variantes	ClinVar / gnomAD	Classificações e frequências
Literatura	PubMed / PMC OA	Abstracts e texto aberto elegível
Busca ampliada	Europe PMC / preprints	Literatura e versões de preprint
Descoberta	OpenAlex / Crossref	Metadados para localizar e deduplicar
Alvos e doenças	Open Targets	Associações e contexto de alvos

OpenAlex e Crossref: metadados, sem suporte isolado a afirmações. Preprints mantêm seu status de revisão.

O que torna uma evidência rastreável

Registro	Informação preservada
Fonte e tipo	Base de origem e entidade: gene, proteína, variante, artigo ou sequência.
Identificador	GeneID, UniProt, RefSeq, PMID, PMCID, ClinVar ou ID de variante.
Trecho e contexto	Texto recuperado, organismo e informações pertinentes ao registro.
Recuperação	Data de coleta e motor: ID, textual, vetorial ou BLAST.
Condições da fonte	URL, licença, versão e conflitos quando disponíveis.

Como revisar o suporte de uma afirmação

Afirmação

A síntese é dividida em afirmações para inspecionar o suporte de cada uma.

Suporte

O verificador confere os IDs e as evidências presentes na recuperação.

Lacuna

Quando falta suporte, o registro preserva a incerteza e orienta uma próxima busca.

Evidência insuficiente significa limite do recorte consultado.

A verificação determinística confere vínculos e citações. A interpretação biológica permanece com o pesquisador.

De uma sequência a uma hipótese investigável

Entrada

FASTA de DNA ou proteína, com origem identificada.

Comparação

blastn ou blastp contra uma base FASTA preparada.

Resultado

ID do hit, identidade, extensão, cobertura, e-value e bitscore.

Interpretação

Relacionar o alinhamento à anotação e à literatura para formular uma hipótese de função.

BLAST requer binários e base configurados. Similaridade de sequência, isoladamente, não comprova função.

Materiais aceitos e o alcance da análise

Formato	Conteúdo	Uso no MVP
FASTA	DNA ou proteína	Leitura de sequências e entrada para BLAST
FASTQ	Leituras e qualidade	Inspeção e resumo dos registros
GFF3	Anotações genômicas	Leitura e resumo de elementos anotados
VCF	Registros de variantes	Leitura de registros e metadados

Processamento NGS completo, RNA-seq e pipelines de grande volume exigem módulos e infraestrutura específicos.

Investigações longas com revisão humana

Planejar e buscar

Dividir o objetivo por fonte e recuperar registros sob demanda.

Analisar e verificar

Sintetizar candidatos e conferir os vínculos de suporte.

Revisar e finalizar

Aprovar ou rejeitar entradas antes da inclusão no artefato.

Fila persistente, progresso registrado e retomada após falhas.

Recurso implementado e testado no piloto local. Fontes e provedor de IA dependem do ambiente.

O que permanece ao final da investigação

Dossiê

Achados, hipóteses, lacunas, decisões e próximas ações por frente.

Matriz de evidências

Itens marcados como suporte, contraponto, contexto, método ou acompanhamento.

Relatório e brief

Síntese com referências e limitações para discussão e continuidade do trabalho.

O histórico da frente conecta perguntas, materiais, entidades e artefatos.

Como avaliar utilidade e qualidade

Dimensão	Critério de avaliação
Recuperação	Relevância e cobertura das evidências para uma pergunta delimitada.
Suporte	Correspondência entre afirmação, trecho e referência citada.
Tempo de tarefa	Tempo até uma entrega que o revisor considere utilizável.
Revisabilidade	Reconstrução do percurso e identificação de lacunas ou divergências.
Continuidade	Capacidade de retomar a investigação sem perder seu contexto.

Métricas a medir com tarefas e revisores definidos. Não há ganho de produtividade quantificado neste material.

Dados e governança no laboratório

Dados permitidos

Definir finalidade, base legal e recorte. Minimizar dados pessoais e sensíveis.

Acesso e retenção

Homologar permissões por equipe, registros de acesso e descarte dos materiais.

Serviços externos

Conferir contratos, envio de trechos, uso dos dados e transferências internacionais.

Finalidade inicial: apoio à pesquisa com revisão científica humana.

Adoção institucional exige avaliação local de segurança, ética e enquadramento do uso. Sem alegação de certificação.

Estágio técnico e evolução

Estágio	Recursos
No piloto	Workspace, frentes, busca híbrida, evidências, claim map, parsers e relatórios.
No piloto local	Research Runs com worker, revisão de admissão e persistência de jobs.
Configuração e homologação	Provedores de IA, fontes, bases BLAST, infraestrutura e políticas institucionais.
Evolução	Workflows Nextflow completos, estruturas 3D e design de proteínas.

Levantamento técnico em 23/10/2026. Disponibilidade operacional é verificada por ambiente.

Como preparar uma avaliação no seu grupo

Pergunta

Escolher uma tarefa real, com entidade, relação e entrega esperada.

Materiais

Separar fontes públicas ou autorizadas e identificar o recorte utilizado.

Revisores

Definir quem confere suporte, relevância, tempo e utilidade da entrega.

Entrega da avaliação: caso documentado, limitações e próximos ajustes.

CONTATO

Vamos avaliar uma pergunta da sua pesquisa

BioFlow

Literatura, dados biológicos e investigação computacional.

xfb.rocks/bioflow

bioflow@xfb.rocks