

Avança parceria Brasil-EUA

Trabalho conjunto com americanos entra numa fase mais ambiciosa

Depois de um ano e meio de trabalho com resultados expressivos, entra em nova fase o Projeto Genoma Humano do Câncer, realizado por um consórcio da rede Onsa, financiado pela FAPESP e o Instituto Ludwig de Pesquisas sobre o Câncer. Uma reunião a ser realizada em outubro, em Genebra (Suíça), deverá consolidar a parceria do grupo com o Instituto Nacional do Câncer (NCI) dos Estados Unidos e marcar a adoção de metas mais ambiciosas. De agora em diante, com as informações já obtidas, os dois grupos passam a



seqüenciar não apenas fragmentos de genes, como vinha sendo feito, mas também genes inteiros.

Além disso, mudam-se as estratégias e amplia-se a meta: o que se pretende agora não é apenas trabalhar com os genes expressos em células cancerosas, mas com todo o genoma humano. Robert Strausberg, coordenador da pesquisa do NCI, e Andrew Simpson, coordenador do Projeto Genoma Humano do Câncer, estão convictos que os dois grupos serão os

maiores responsáveis pelo seqüenciamento do genoma humano no mundo (*ver quadro*).

O trabalho brasileiro ajuda no projeto conjunto por causa de uma tecnologia criada aqui: a estratégia Orestes, que permite seqüenciar o centro do gene, no qual se concentram as informações mais relevantes para os genes desempenharem suas funções. É uma técnica complementar à pesquisa norte-americana, que se dedica ao seqüenciamento das pontas dos genes.

Metas ampliadas

Robert Strausberg, assistente de direção do NCI, Victor Junheneel, coordenador de bioinformática do Instituto Ludwig em Lausanne (Suíça), e Andrew Simpson, coordenador do Projeto Genoma Humano do Câncer, comentam a seguir as perspectivas do trabalho conjunto entre pesquisadores brasileiros e norte-americanos no seqüenciamento do genoma humano.

■ *Vocês só trabalham com tecidos de câncer?*

STRAUSBERG: Nossa aproximação com o Brasil foi para estudar tecidos

cancerosos, mas a cooperação cresceu. Agora, coletivamente, falamos que vamos estudar todos os tecidos.

■ *Não vão mais se limitar a estudar células cancerosas?*

SIMPSON: É isso mesmo. Houve uma globalização do projeto. Os dois projetos cresceram e estamos assumindo o espaço que existe no mundo para definir todos os genes humanos. Crescemos e temos uma ambição muito maior. No mundo todo há muita gente tentando fazer o que fazemos, recorrendo aos bancos de dados. Mas só nós usamos computação de alta qualidade no projeto. Tudo indica que podemos liderar essa tecnologia no mundo.

■ *O Brasil estaria na liderança da bioinformática?*

SIMPSON: Não somos o máximo, mas somos respeitados entre os grupos acadêmicos do mundo.

JONGENEEL: Os pesquisadores brasileiros têm uma especialização substancial em bioinformática e um dos projetos mais importantes do mundo na área. Pode-se contar nos dedos esses grupos existentes no mundo.

SIMPSON: Há muitos grupos teóricos, mas poucos com experiência de executar e gerenciar projetos. Os pesquisadores do NCI têm e nós também. Poucos têm a experiência de quem executou um projeto de seqüenciamento do porte do da *Xylella fastidiosa*. Temos a capacidade de mesclar



Jongeneel (esquerda),
Strausberg, Simpson e Buetow:
abordagens complementares

bioinformática do Instituto Ludwig em Lausanne (Suíça), e de Keneth Buetow, chefe do Laboratório de Genética Populacional do NCI.

Strausberg se declarou “orgulhoso da parceria com os cientistas brasileiros” e relatou a pesquisa que coordena no NCI, onde está disponibilizado o banco de dados que ajuda a mapear as variações genéticas sistemáticas relacionadas ao câncer. Segundo ele, o objetivo desse trabalho é intervir em funções moleculares de células cancerosas: “É um banco de dados sobre expressão genética destinado à farmacologia molecular do câncer. É uma nova era para o tratamento do câncer”.

Novo patamar - Strausberg e Simpson revelaram que o trabalho conjunto chega a um novo patamar depois de os americanos terem feito 1 milhão de seqüenciamentos e os brasileiros, 500 mil. Com os avanços obtidos, foi necessário adotar novos procedimentos, já que o rendimento das técnicas até então usadas tendia a diminuir.

Do lado brasileiro, por exemplo, o uso da estratégia Orestes deve esgotar-

se até o fim do ano. Simpson revela que a partir daí passará a trabalhar com o seqüenciamento completo de genes indicados a partir do banco de dados dos Estados Unidos. Os pesquisadores do NCI também passarão a trabalhar no seqüenciamento completo e, além disso, vão produzir fisicamente uma cópia dos genes.

“Esse trabalho tem um enorme valor para a comunidade mundial”, diz Simpson, “porque a partir do gene transcrito completo pode-se produzir proteínas e anticorpos”. Segundo ele, não se trata de clonagem, mas de “construir o gene a partir da informação computacional”. Dos dois lados, enfim – aqui se trabalhando com o gene virtual e lá fora também com o gene físico – trata-se de preencher as lacunas deixadas pela fase inicial das pesquisas.

Strausberg e Simpson salientam: a colaboração é mútua e aberta a outros grupos, o que é coerente com a meta de construir a mais abrangente base de dados possível. Depois, caberá a cada país participante utilizar as informações sobre o genoma depositadas no GeneBank para produzir medicamentos ou testes diagnósticos. “Cabe ao Brasil não parar o incentivo aos laboratórios”, lembra Maria Aparecida, da USP. •

Acordos como esse são sempre produtivos, “desde que sejam realmente uma colaboração e que todas as partes envolvidas saiam ganhando”, observa Maria Aparecida Nagai, coordenadora de um dos centros de seqüenciamento do Projeto Genoma Humano do Câncer, na Faculdade de Medicina da USP.

O anúncio da nova fase do projeto foi feito em seminário realizado em 29 de agosto na FAPESP, com a presença de Strausberg, de Simpson, de Victor Jongeneel, coordenador de

bioinformática com biologia experimental, e isso é muito custoso.

■ *Parece que os dois projetos, americano e brasileiro, serão responsáveis pelo maior parte do desvendamento de todo o genoma humano.*

SIMPSON: Essa impressão é correta. Quase todos os genes já identificados, cerca de 10 mil, têm seqüências dos dois projetos.

■ *Quais as diferenças entre os programas de câncer do NCI e do Brasil?*

STRAUSBERG: O objetivo é o mesmo, as estratégias é que são diferentes. Mas são abordagens científicas complementares.

SIMPSON: Não ficamos muito presos

a planos e metas, porque uma característica dos dois programas, que define sua afinidade, é a flexibilidade. Chegaremos a novas tecnologias que ainda nem foram inventadas. Porque nós somos visionários. Achamos que a maior parte dos genes que falta identificar será feita por nós.

O que vocês têm que os outros não têm?

SIMPSON: Temos visão.

STRAUSBERG: Temos recursos e especialização. Já somos os maiores produtores de seqüências de genes humanos expressos no mundo.

SIMPSON: Entendemos que esse trabalho, que é muito árduo e complexo, vale a pena. Outros grupos têm

interesse num gene só. Clonam o gene e o estudam dentro de um contexto biológico. Nossa visão é diferente: temos uma visão global de que é essencial ter a totalidade dos genes humanos definida. Baseados nisso, e não somente no gene do câncer, é que vamos entender o câncer. Temos em comum a visão de que o mais importante é a definição do conjunto do genoma humano.

JONGENEEL: Há outros projetos no mundo, mas acho que fazemos melhor.

SIMPSON: Outros que compartilhem nossa visão e queiram se agrupar a nossa iniciativa serão bem-vindos. Temos um objetivo pelo bem da humanidade.