

■ *Já se diz que genoma humano é coisa do passado e que a nova ordem agora é o proteoma. Serão necessários softwares novos para estudar o proteoma?*

— Há muitas ferramentas à mão para proteínas, diria até mais avançadas que as da genômica. Mas teremos de comparar muitos genomas para tentar entender a estrutura e o funcionamento das proteínas. Comparando, você pode transferir funções. Para compreender nosso corpo, como são as doenças, como tratá-las, teremos de ter um grande entendimento sobre como as células trabalham. Para chegar a esse nível, precisaremos de um sistema computacional que mostre como todos os componentes celulares interagem. É algo muito difícil de desenvolver. Mas, como sabemos de muitas similaridades de função entre organismos, se seqüenciarmos o DNA de várias espécies poderemos extrair evidência experimental de um e relacioná-la a outro. Muitas empresas pesquisam a estrutura das proteínas. A experiência delas mostra que, para cada organismo em particular, só é possível obter 40% das estruturas das proteínas. Mas, se você relaciona a informação de um organismo com a de outro, pode conseguir 80% das estruturas.

■ *Quais organismos deveriam ser mapeados para essas comparações? O chimpanzé, o camundongo?*

— O chimpanzé é muito próximo de nós e, por ora, não aprenderemos muito com ele. Já o camundongo, uma discussão em curso aponta a possibilidade de que seja ainda mais diferente de nós do que esperávamos. Então, agora há muito interesse num intermediário: animais de fazenda, como a vaca e o porco. Seqüenciar organismos é muito fácil. O interessante é trabalhar com biologia em larga escala, fazer experiências com *chips* que mostram os genes expressos e quais proteínas são utilizadas por um organismo em determinada situação. Esse é um grande trabalho para a bioinformática. ●



SERGIO LIMA/FOLHA IMAGEM

Vitória, primeiro animal clonado no Brasil, e a "mãe de aluguel": interação de técnicas

ZOOTECNIA

Gestação alternativa

Clonagem acelera as pesquisas de conservação de recursos genéticos

De parto normal, pesando 50 kg, nasceu em 17 de março o primeiro animal clonado no Brasil: a bezerra Vitória, que cresce sem problemas numa fazenda da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa) próxima a Brasília. Pode ser o caso de se festejar também o domínio de uma técnica – a transferência nuclear – e o início de uma nova etapa nas pesquisas de melhoramento genético e de conservação de recursos genéticos em vias de extinção. Estima-se que a clonagem ajude a realizar em um ano o trabalho que hoje toma 12 anos.

O médico veterinário Rudolfo Rumpf, coordenador do projeto de biotecnologia de reprodução animal da Embrapa, examina a situação sob a perspectiva histórica. Para ele, Vitória ainda tem maior valor científico e biológico do que produtivo. “Ainda temos muito trabalho”, diz.

Sua equipe produziu 24 embriões e transferiu 15 para “mães de aluguel” – e apenas uma gestação vingou.

Vitória provém do material genético de um embrião de cinco dias, coletado de uma doadora da raça simental. Em 1997, um caminho mais complexo levou à ovelha Dolly, concebida a partir de células de um animal adulto. “Após a fecundação *in vitro*, reconstruímos o embrião em laboratório”, conta Rumpf. Reitera-se assim, segundo ele, a importância da interação de técnicas: o embrião usado no experimento como fonte doadora de núcleo foi gerado pela transferência de embriões clássica.

O segundo - “Haverá um avanço notável nessa área no Brasil nos próximos anos”, diz Rumpf, com base na soma de esforços com os laboratórios que trabalham com a transferência nuclear em São Paulo, Rio de Janeiro, Rio Grande do Sul e Pará. O primeiro clone brasileiro obtido por uma técnica mais semelhante à de Dolly pode nascer em breve: na fazenda em que Vitória nasceu, está em gestação um bezerro clonado a partir de células da orelha de uma vaca. ●