

Tecnologias de células únicas podem ampliar a compreensão de doenças na América Latina, aponta artigo liderado pelo INCA

O INCA liderou a publicação de um artigo na Revista *Cell* que discute o potencial das tecnologias de sequenciamento de células únicas e transcriptômica espacial (TE) para ampliar a compreensão de doenças e fortalecer a pesquisa biomédica na América Latina. O trabalho *Exploring Latin America one cell at a time* destaca como essas abordagens podem contribuir para investigar a diversidade genética da região e reduzir lacunas de representação em estudos genômicos globais. O artigo foi desenvolvido em colaboração com profissionais do Wellcome Sanger Institute, do Wellcome Connecting Science (WCS), no Reino Unido, e de diversas universidades e institutos da América Latina.

A TE é uma tecnologia avançada que mapeia a atividade gênica (RNA) diretamente em cortes de tecidos intactos, preservando a localização original das células. Complementar ao sequenciamento de células únicas, a transcriptômica espacial permite mapear onde as células e os genes estão localizados no tecido. Na prática, essas tecnologias permitem compreender com maior resolução a composição celular dos tecidos, as interações entre células e as alterações associadas a diferentes doenças. Esse nível de detalhamento abre novas possibilidades para o desenvolvimento de biomarcadores, terapias e estratégias de saúde pública.

Concebido em formato de comentário, o artigo faz uma análise abrangente do estado atual da pesquisa em transcriptômica espacial e de célula única na América Latina. “O seu propósito é destacar o potencial transformador dessas tecnologias para a ciência e a saúde da região”, explica Patrícia Possik, líder do grupo de biologia funcional de tumores do Instituto e autora correspondente do documento. De acordo com a pesquisadora, os estudos na América Latina têm o atributo de oferecer insights únicos sobre a diversidade genética dessa porção do continente, as adaptações ambientais e os desafios urgentes de saúde, tais como doenças não transmissíveis (como câncer e obesidade) e doenças infecciosas endêmicas (como Zika e dengue).

Como surgiu a ideia?

A elaboração do artigo se deu depois da realização de três eventos de treinamento em genômica de célula única promovidos pelo INCA em parceria com a WCS, com apoio



Patrícia Possik, João Viola e Mariana Boroni estão entre os autores do artigo

da Chan Zuckerberg Initiative (CZI), organização filantrópica criada por Mark Zuckerberg (CEO da Meta) e sua esposa, Priscilla Chan, que é médica pediatra. A atuação da CZI foi decisiva para o desenvolvimento dos cursos, para a formação de instrutores regionais e para a estruturação da comunidade latino-americana de pesquisadores. “Foram dois cursos e um simpósio no Rio de Janeiro, além de um curso adicional na Costa Rica”, relata Mariana Boroni, responsável pelo Laboratório de Bioinformática e Biologia Computacional do INCA, que co-liderou o projeto e é também co-autora correspondente.

Contribuições para pesquisa em câncer

Sobre o impacto e as contribuições desse tipo de tecnologia para os avanços no controle do câncer, destaca-se o fato dela permitir compreender a heterogeneidade tumoral com maior precisão, orientando tratamentos mais eficazes e intervenções de saúde pública. “Esse aspecto contribui não só para a melhoria da pesquisa em câncer e o fortalecimento da ciência local, como também para o planejamento de políticas públicas e decisões sobre investimentos e novas terapias”, argumenta João Viola, coordenador de Pesquisa e Inovação do INCA.

Outra vantagem mencionada pelos pesquisadores é que a identificação de assinaturas moleculares específicas da população local pode aprimorar os métodos de detecção precoce, orientar programas de rastreamento e revelar novos alvos terapêuticos.