

inovação

ATLAS TUMORAL DA POPULAÇÃO BRASILEIRA, PRIMEIRO DO TIPO NA AMÉRICA LATINA, PREENCHE LACUNA IMPORTANTE PARA AVANÇO DA MEDICINA DE PRECISÃO

Brasil tem a sétima maior população do mundo, com 213 milhões de habitantes. Esse imenso contingente apresenta a maior diversidade global, resultado de séculos de miscigenação entre europeus (sobretudo portugueses), africanos e indígenas. São quase 9 milhões de variantes genéticas, segundo um estudo da Universidade de São Paulo publicado ano passado na revista *Science*.

Cartografia contra o câncer

As diferenças vão muito além da cor da pele, dos olhos ou dos cabelos. Existem características predominantes em nossa população, determinantes para o surgimento de certos tipos de câncer. É esse conjunto de informações que será reunido no *Atlas Tumoral da População Brasileira* (ATPBR), iniciativa do INCA, com lançamento previsto para junho.

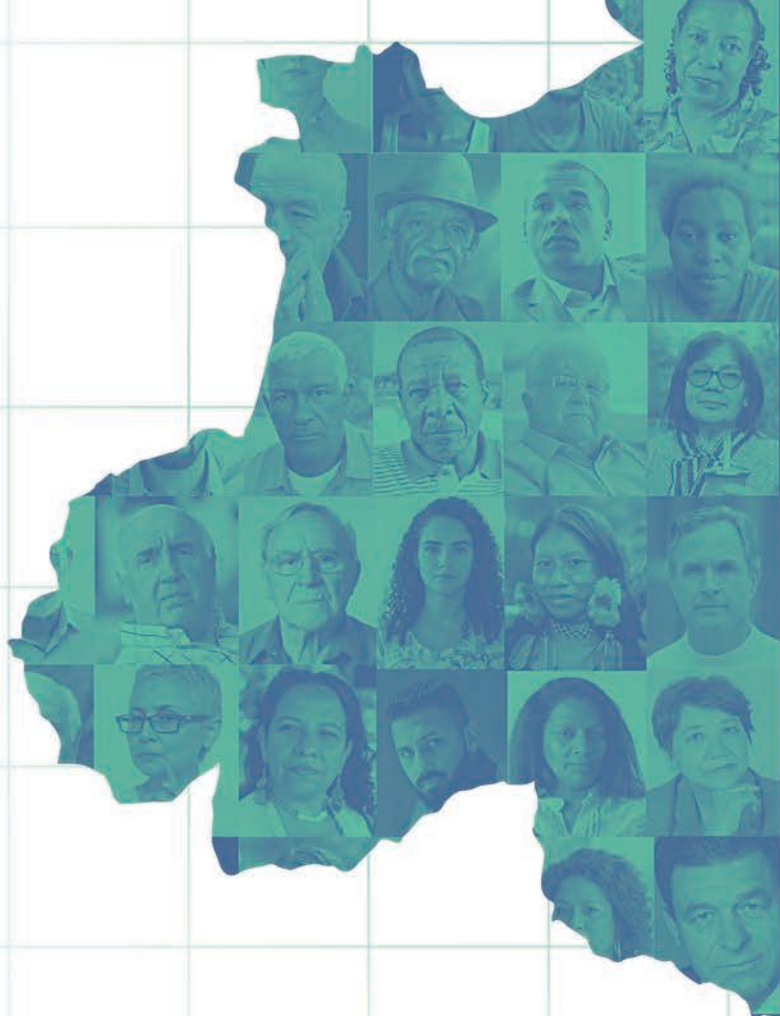
O projeto, que recebeu financiamento de quase R\$ 9 milhões do Ministério da Saúde, preenche uma lacuna importante para o avanço da medicina de precisão. O Brasil passará a contar com um banco de dados moleculares e genéticos sobre diferentes tipos de câncer. Hoje, há poucos repositórios semelhantes no mundo — e quase todos estão concentrados no Norte Global, com populações muito diferentes da brasileira. O *Atlas Tumoral* do INCA será o primeiro da América Latina.

“Já acessamos dados de outros bancos, mas eles são baseados na população norte-americana ou europeia. Há muito pouco sobre a população brasileira, que é geneticamente miscigenada. E o câncer tem uma base genética importante. Por isso, precisamos ter os dados genéticos da nossa população para, a partir daí, identificar suas necessidades”, afirma João Viola, coordenador de Pesquisa e Inovação do Instituto.

O principal banco de dados acessado pelos pesquisadores do INCA ainda é o *The Cancer Genome Atlas* (TCGA), dos Estados Unidos. Lançado em 2006, o TCGA realizou o sequenciamento de mais de 20 mil amostras de 33 tipos de câncer, reunidas em um arquivo com 2,5 milhões de gigabytes. Essas informações provocaram uma revolução na oncologia mundial, ao possibilitar avanços na medicina personalizada e a adoção de tratamentos mais assertivos.

“Cientistas do mundo inteiro começaram a trabalhar com os dados do TCGA, mas ficou uma lacuna de representatividade. Até existem alguns indivíduos de outros países no *Cancer Genome Atlas*, mas são minoria. Por isso, inspirados nesse projeto, decidimos criar uma versão brasileira”, conta Mariana Boroni, chefe do laboratório de Bioinformática e Biologia Computacional do INCA e coordenadora da pesquisa.

Assim como o TCGA, o ATPBR conterà dados multiômicos — ou seja, de diferentes níveis moleculares. Do genoma, constarão informações sobre o DNA, associado à hereditariedade; do transcriptoma, dados sobre o RNA, responsável por traduzir as informações do DNA nas células; e do epigenoma, informações que permitem avaliar fatores ambientais associados ao desenvolvimento de tumores.



Esse conjunto é relevante por ser o câncer uma doença multifatorial — pode ter origem tanto genética quanto ambiental, consequência da exposição a fatores carcinogênicos. A plataforma também reunirá dados clínicos dos pacientes, como tipo de tumor, sobrevida e tratamento. O ATPBR terá atualização contínua, administrada por um conselho consultivo, com a incorporação de novos dados e pesquisas realizadas em outras instituições do Brasil. Embora seja aberto, o Atlas vai salvaguardar informações sensíveis, seguindo a Lei Geral de Proteção de Dados (LGPD).

Com os dados disponíveis, os cientistas poderão identificar, por exemplo, as alterações moleculares mais prevalentes em determinada região. Viola cita o caso da “doença dos tropeiros”, ou síndrome de Li-Fraumeni, que só existe no Brasil — especialmente na Região Sul. A síndrome decorre de uma mutação na proteína TP53, que torna seu portador muito mais suscetível a determinados tipos de câncer.

“É uma mutação que favorece o surgimento de tumores de mama e sarcoma, entre outros. Ela se originou em uma família específica: um tropeiro do século XIX que viajava muito e teve descendentes em várias cidades do Paraná, disseminando essa mutação. O Atlas poderá identificar situações semelhantes”, explica o coordenador de Pesquisa.

Como usar a ferramenta:

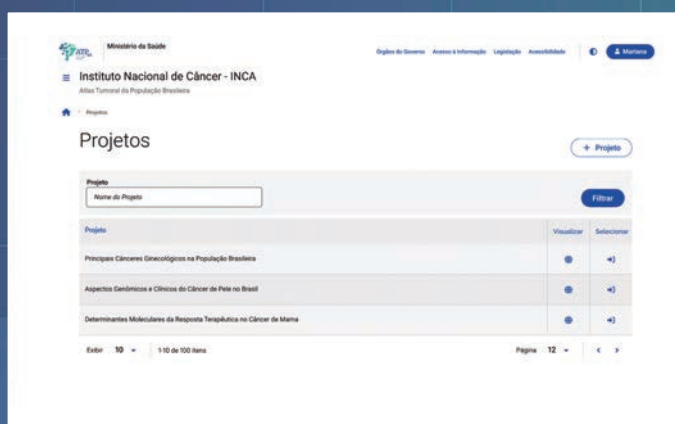
Crie sua conta institucional

Cadastre-se na plataforma ATPBR com e-mail institucional e inicie a submissão de dados



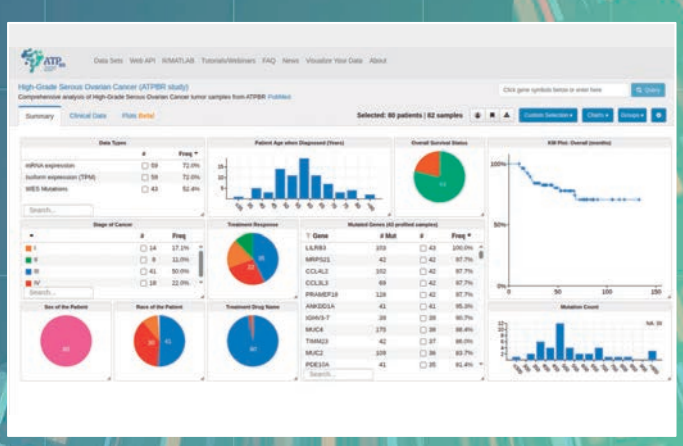
Descreva seu projeto e dados

Acesse o módulo de submissão e registre um novo projeto. Informe os objetivos, a origem, o tipo de amostras e as características dos dados a serem depositados. Os dados são avaliados conforme critérios éticos, legais e científicos.

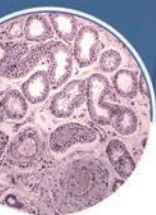
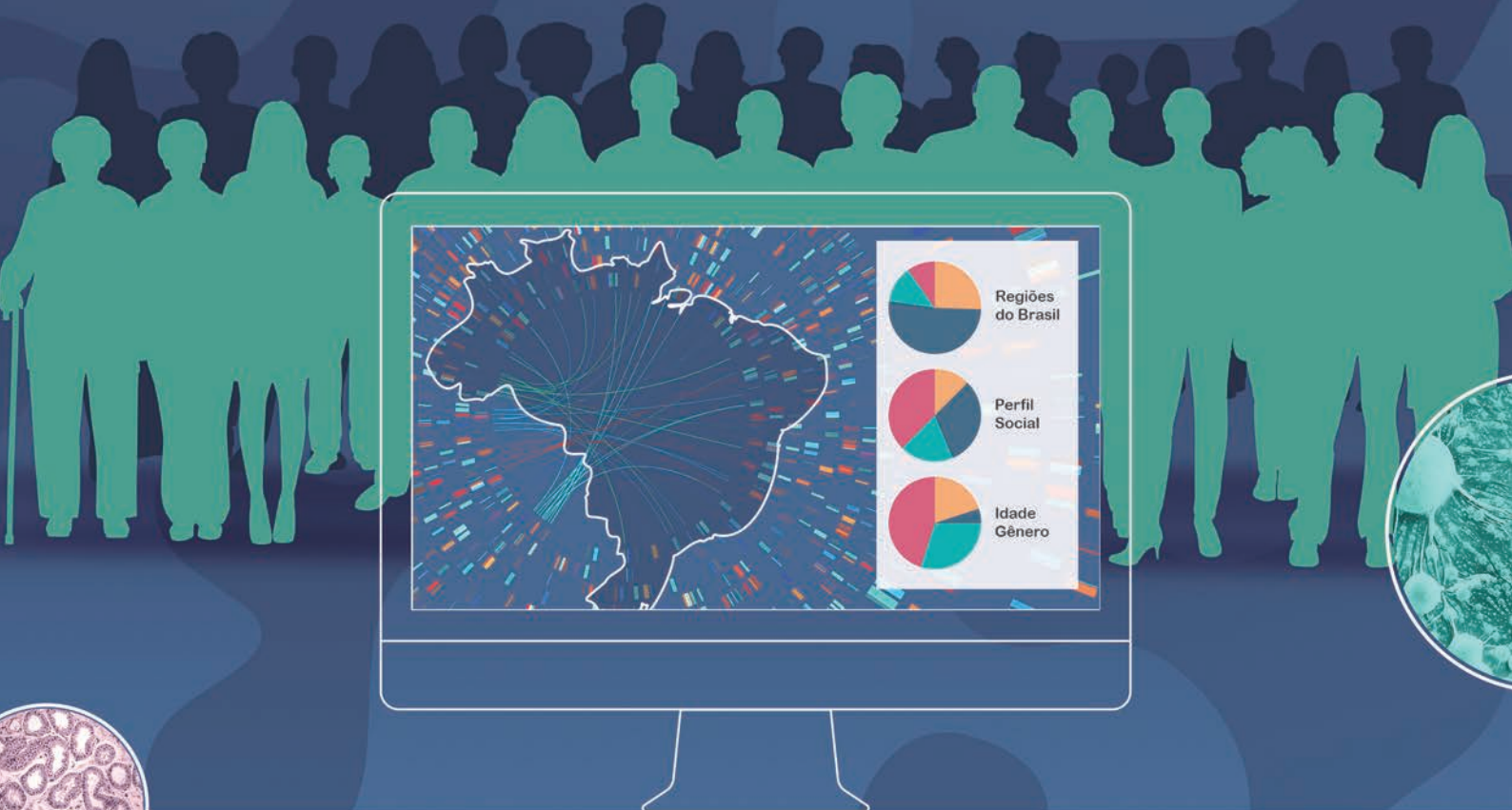


Processamento e integração

Os dados passam por pipelines padronizados de bioinformática e são integrados a um portal interativo para exploração e visualização de dados oncológicos.



Fonte: Liliane Contevelle, pesquisadora do INCA



Os primeiros dados disponíveis no ATPBR serão de tumores ginecológicos: cânceres de ovário, endométrio e colo do útero. Pesquisadores do próprio INCA estão realizando o sequenciamento genético de 200 amostras de cada tipo. A análise permitirá avaliar as características moleculares dos tumores e correlacioná-las a dados como etnia, cor da pele, hábitos e fatores socioeconômicos e geográficos.

Posteriormente, serão incluídos dados sobre tumores de mama, pediátricos — especialmente leucemia — e de próstata. O câncer de mama é o mais incidente entre mulheres, representando cerca de 30% dos casos. Entre os homens, destaca-se o de próstata, também com cerca de 30%. As informações do *Atlas* vão possibilitar a adoção de tratamentos mais precisos.

“Veja o caso do câncer de ovário, o tumor ginecológico mais letal, embora seja o sétimo em incidência. Aqui no INCA, tratamos as pacientes de forma semelhante, com quimioterapia à base de platina e taxanos. Algumas respondem bem, outras não. Só conseguimos entender essa resposta ao analisar as características moleculares dos tumores. É isso que o estudo permite: identificar mutações associadas ao prognóstico e, com isso, pensar em novas formas de tratamento”, explica Mariana.

O *Atlas* também incorporará dados do projeto Genoma Câncer Brasileiro, uma das vertentes do Programa Genomas Brasil. O Genoma Câncer

vem realizando o sequenciamento genético de pacientes com diferentes tipos de tumores, como de mama e próstata, para identificar alterações específicas na população brasileira, como no caso da Síndrome de Li-Fraumeni.

Esse conjunto de informações será relevante para prevenção e tratamento. Ao identificar mutações genéticas associadas a tumores em determinado grupo populacional, será possível rastrear indivíduos com maior risco, eliminar eventuais agentes causadores — quando possível —, fazer o diagnóstico precoce e orientar intervenções mais eficazes.

Para o coordenador-geral de ações estratégicas em pesquisa do Ministério da Saúde, Evandro de Oliveira Lupatini, o *Atlas Tumoral* deve contribuir de forma significativa para aprimorar o atendimento no Sistema Único de Saúde (SUS). No futuro, decisões sobre incorporação de tecnologias e novos tratamentos poderão considerar diferenças regionais, permitindo melhor uso dos recursos e intervenções mais efetivas.

“O *Atlas* pode contribuir para que o SUS ofereça um atendimento mais preciso nas diferentes localidades, aproximando-se de um modelo de cuidado mais personalizado e territorializado. A partir dessas informações, será possível identificar biomarcadores mais adequados para diagnóstico, prognóstico e escolha de tratamentos, considerando variações regionais e populacionais”, afirma Lupatini. ■

