

Projetos de pesquisa são selecionados pelo CNPq

Três projetos de pesquisas em rede sobre câncer do INCA receberão financiamento do Ministério da Saúde, Ministério da Ciência e Tecnologia e Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq). As propostas dos profissionais do Instituto selecionadas encaixam-se em projetos mais amplos e serão desenvolvidas em parceria com outras instituições.

A pesquisa, inédita no Brasil, tem como tema central a comparação do genoma e do proteoma completo de uma célula de câncer de mama com o genoma e o proteoma de uma célula normal da mesma paciente. "Deixaremos de olhar as conseqüências e passaremos a olhar a causa da doença, indo direto ao DNA", comemora José Cláudio Casali, diretor do Banco Nacional de Tumores e DNA do INCA e integrante da primeira etapa do projeto, na qual será feito o sequenciamento completo do genoma das células alteradas e normais.

"Vamos visualizar o que tem no genoma e no proteoma da célula doente e que está ausente na célula normal, ou o que tem na célula normal e falta na célula doente ou, ainda, um determinado padrão na célula normal que apresentase alterado na célula doente. Podemos identificar alterações ainda não descritas e em que momento se dão as alterações. Isso pode nos levar a novos alvos genéticos e individualizar cada vez mais os tratamentos, evitando a exposição de pacientes a tratamentos que não terão nenhum efeito para elas", exemplifica Casali.

Na segunda etapa, de análise do proteoma da célula tumoral e da célula normal, está incluído o projeto da pesquisadora do Centro de Transplante de Medula Óssea (CEMO) Eliana Abdelhay. Já a comparação entre os dois genomas e os dois proteomas é tarefa do grupo do pesquisador Fabio Passetti, da área de Bioinformática.

Como a linhagem das células a ser usada é de uma paciente estrangeira, haverá uma última etapa para confirmar se os dados obtidos são relevantes para a realidade brasileira. "Trezentas amostras

de câncer de mama do nosso banco de tumores serão analisadas para comparação com os dados descobertos nas células da pesquisa principal", revela Casali. "Em continuidade a esse estudo, a ideia é fazer a comparação com células de tumores de mulheres de outros estados para observar as semelhanças e diferenças entre as regiões do país", finaliza.

Com os avanços da bioinformática, a expectativa é que o sequenciamento do genoma seja completado em dois meses. Em julho deve acontecer a segunda reunião do grupo para avaliar o andamento do estudo. O prazo de conclusão de todo o projeto é de três anos. **i**

