



FOTO: CICERO RODRIGUES

Resultados [de estudos recentes] mostram eloquentemente que os processos de formação do câncer são de fato diferentes. O câncer, portanto, não é uma doença, mas muitas

A verdadeira saga que levou à descrição da sequência completa do genoma humano foi o assunto da revista científica *Nature* em fevereiro de 2001 (v. 409, n° 6.822). Nessa edição histórica, vários autores que participaram da façanha narraram os diferentes aspectos desse grande passo da ciência. O projeto foi trabalhoso e demorado, e envolveu muitos laboratórios e uma coordenação competente.

Em verdade, o DNA humano não representa nem o maior nem o menor genoma existente, mas o alarde se justificou porque se descortinou à frente dos cientistas um enorme banco de dados, que potencialmente revelaria o que há de tão particular no *Homo sapiens*. Desde então, a tecnologia de sequenciamento avançou de tal modo que, hoje, dificilmente uma semana transcorre sem que a descrição de algum novo genoma seja publicada. Genomas tornaram-se corriqueiros. No caso dos humanos, genomas individuais podem ser produzidos e decifrados em pouco tempo, o que permitiu vários estudos sobre a variação dentro da própria espécie.

Recentemente, o ‘projeto dos mil genomas’ comparou o material genético de 1.092 indivíduos (*Nature*, v. 491, n° 7.422, 2012) de 14 populações da Europa, Ásia, África e Américas. Não foi surpresa a descoberta de diferenças marcantes, mesmo dentro de um dado grupo, que refletem principalmente as alterações induzidas pelo isolamento geográfico ou por variações do ambiente (altitude, insolação etc.).

Na busca incessante por padrões, o estudo do transcriptoma humano somou-se recentemente (*Nature*, v. 501, n° 7.468, 2013) aos dados do projeto dos mil genomas. O transcriptoma é o conjunto dos transcritos dos genes, ou seja, das moléculas de RNA sintetizadas com base em sequências do DNA e que contêm as informações para a produção das proteínas existentes em um indivíduo. Nesse caso, foram investigadas sequências de 462 amostras selecionadas entre as do projeto dos mil genomas. O estudo mostrou que tam-

bém há diferenças significativas entre os transcritos das diferentes populações.

Esse resultado significa que, do ponto de vista funcional, cada população – por exemplo, iorubas (da África) e populações europeias – usa seus genes de maneira diferente. Em outras palavras, as variações existentes mostram que os vários tecidos orgânicos são regulados de modo diferente e característico em cada grupo humano estudado. É como se tais variações permitissem uma plasticidade fisiológica bem maior que a imaginada antes – acreditava-se que os humanos, de qualquer origem, teriam respostas invariáveis do ponto de vista do funcionamento de seus órgãos e tecidos. Se assim é, justifica-se mais ainda a chamada farmacogenômica (ver ‘A falta que Mendel faz’, em *CH* n° 286), segundo a qual em breve os pacientes receberão tratamentos sob medida, de acordo com seus genomas.

Os estudos nesse sentido não param. Trabalho publicado no mês passado (*Nature Genetics*, v. 45, n° 10) compara os genomas de células de cerca de 3 mil tumores de 12 tipos de câncer, selecionados no banco de dados do Atlas do Genoma do Câncer. A comparação detectou diferenças importantes, ditas não apenas por mutações, mas também pela presença de cópias extras de proteínas reguladoras – os dois fatores que, no câncer, subvertem o funcionamento da célula normal. Esses resultados mostram eloquentemente que os processos de formação do câncer são de fato diferentes. O câncer, portanto, não é uma doença, mas muitas.

No entanto, os tumores também revelam pontos fracos: o mesmo estudo dos genomas do câncer revelou certos padrões comuns que sugerem estratégias de tratamento por meio da combinação de fármacos. Os novos achados sobre genomas dividem espaço com um alerta. Um interessantíssimo artigo, ‘Ética: genética do tabu’, da jornalista de ciência Erika Check Hayden, publicado no mês passado (*Nature*, v. 502, n° 7.469), chama a atenção para os usos indevidos da genômica. **CH**

FRANKLIN RUMJANEK

Instituto de Bioquímica Médica, Universidade Federal do Rio de Janeiro
franklin@bioqmed.ufrj.br