

Mapeamento do Genoma Humano

Objetivo Específico do Projeto Genoma Humano

A grande meta do Projeto Genoma Humano é ler e entender estas instruções. Em outras palavras, é nada menos que a busca do completo entendimento da base genética do Homo sapiens, incluindo a base genética das doenças. De posse desse conhecimento, o objetivo seguinte é aplicar tecnologia para alterar, quando preciso, algumas das instruções, visando aperfeiçoar o ser humano e livrá-lo de doenças e outros fatores limitante.

Os Números da Genética

O corpo humano contém cerca de 100 trilhões de células. Na maioria das células existe um núcleo, onde se encontra algo essencial: o genoma humano, uma estrutura contendo o projeto de construção e funcionamento do corpo. O genoma é encontrado no núcleo das células sob a forma de 46 filamentos enrolados em pacotes chamados cromossomos, que incluem também moléculas de proteínas associadas.

Se desenrolássemos estes fios e os ligássemos em série, eles formariam um frágil cordão com cerca de 1 metro e meio de comprimento, e apenas 20 trilionésimos de largura! Este fantástico cordão que encerra o código genético é na verdade constituído por uma gigantesca molécula, conhecida como ácido desoxirribonucléico - o DNA.

A estrutura espacial do DNA, descoberta em 1953 por James Watson e Francis Crick, através de estudos de difração de raios-X, tem a forma de uma dupla hélice, a famosa "escada helicoidal".

É como se fosse uma escada flexível formada por duas cordas torcidas, ligadas por degraus muito estreitos. Cada "corda" é um arranjo linear de unidades semelhantes que se repetem, chamadas nucleotídeos, e se compõem de açúcar, fosfato e uma base nitrogenada. Existem quatro bases nitrogenadas no DNA, as quais se unem aos pares para formar os "degraus" da escada: adenina (A), timina (T), guanina (G) e citosina (C). Um dado fundamental no mecanismo de funcionamento do DNA é o fato de que A e T se atraem mutuamente, da mesma forma que C e G. Elas obedecem rigorosamente à regra de que só podem se unir destas duas maneiras: A se liga a T e G se liga a C. Não pode existir no DNA um par de bases formado de adenina e citosina, ou de timina e guanina, por exemplo. A ordem particular em que as bases se alinham ao longo da

cadeia de açúcar e fosfato é chamada a seqüência nucleotídica do DNA. Essa seqüência é característica para cada organismo e encerra milhões de sinais que a célula consegue interpretar como instruções para a fabricação de proteínas, como veremos a seguir.

Como funciona o Código Genético

O corpo humano conta com 20 aminoácidos diferentes, que se unem em diferentes seqüências, para constituir as diferentes proteínas necessárias à sua estrutura e funcionamento. O organismo humano pode sintetizar pelo menos 80 mil diferentes proteínas.

A instrução para que as células fabriquem uma proteína específica é dada por um segmento da cadeia de DNA contendo uma seqüência específica de bases. Isso é o que constitui o gene: um segmento de DNA que contém a mensagem completa para a síntese de uma proteína. Na linguagem química do código genético, um gene funciona como uma "sentença", cujas letras seriam as quatro bases A, C, G e T. Cada conjunto de 3 bases (codons), na seqüência ao longo da "corda" do DNA, seriam as "palavras", as quais sinalizam às células um determinado aminoácido a ser usado na síntese da proteína. Por exemplo, a seqüência de bases ATG codifica o aminoácido metionina. Um fragmento do DNA com a seqüência GAGATGGCA codifica uma seqüência de três aminoácidos, que são, respectivamente, ácido glutâmico, metionina e alanina. Desvendar o seqüenciamento das bases dentro do DNA, para cada organismo, é desvendar o seu código genético, o "segredo" de sua formação e de seu funcionamento, pois o DNA é o "manual de instruções" usado pela célula.

Os Números da Genética

O padrão genético da espécie humana -- o genoma humano -- contém de 60 a 80 mil genes, cada um deles contendo instruções sobre como as células devem produzir um determinado tipo de proteína.

Uma vez que 3 bases codificam um aminoácido, uma proteína codificada por um gene de tamanho médio (contendo 3 mil pares de bases, por exemplo), conterà mil aminoácidos.

O número total de pares de bases é o que geralmente determina o tamanho do genoma: o genoma do homem contém aproximadamente 3 bilhões de pares de bases; o de uma levedura, cerca de 15 milhões; e o da bactéria *Escherichia coli*, cerca de 4,5 milhões.

Os cientistas calculam que a diferença entre o DNA do homem e o DNA do chimpanzé é de apenas 2%.

Entre os estudos de organismos não-humanos, o seqüenciamento genético da bactéria *Xylella fastidiosa* é uma contribuição brasileira ao Projeto Genoma. Banco de Dados Microbiológicos do TIGR)

Um aspecto particular do Projeto Genoma Humano norteamericano é que ele procura abordar também os aspectos éticos, legais e sociais envolvidos. O Projeto Genoma Humano é um empreendimento internacional, iniciado formalmente em 1990 e projetado para durar 15 anos, com os seguintes objetivos:

- Identificar e fazer o mapeamento dos 80 mil genes que se calcula existirem no DNA das células do corpo humano;
- Determinar as seqüências dos 3 bilhões de bases químicas que compõem o DNA humano;
- Armazenar essa informação em bancos de dados, desenvolver ferramentas eficientes para analisar esses dados e torná-los acessíveis para novas pesquisas biológicas.

Como parte deste empreendimento, paralelamente estão sendo desenvolvidos estudos com outros organismos selecionados, principalmente microorganismos, visando desenvolver tecnologia e também como auxílio ao trabalho de interpretar a complexa função genética humana. Como existe uma ordem subjacente a toda a diversidade da vida e como todos os organismos se relacionam através de semelhanças em suas seqüências de DNA, o conhecimento adquirido a partir de genomas não-humanos freqüentemente leva a novas descobertas na biologia humana.

Significado de mapeamento e seqüenciamento do genoma

O PGH tem como um objetivo principal construir uma série de diagramas descritivos de cada cromossomo humano, com resoluções cada vez mais apuradas. Para isso, é necessário: dividir os cromossomos em fragmentos menores que possam ser propagados e caracterizados; e depois ordenar estes fragmentos, de forma a corresponderem a suas respectivas posições nos cromossomos (mapeamento).

Depois de completo o mapeamento, o passo seguinte é determinar a seqüência das bases de cada um dos fragmentos de DNA já ordenados. O objetivo é descobrir

todos os genes na seqüência do DNA e desenvolver meios de usar esta informação para estudo da biologia e da medicina.

Um mapa genômico descreve a ordem dos genes ou de outros marcadores e o espaçamento entre eles, em cada cromossomo. Existem mapas de baixa resolução, como os mapas de associações genéticas, que indicam as posições relativas dos marcadores de DNA (genes e outras seqüências identificáveis de DNA) através de seus padrões de hereditariedade; e existem os mapas físicos, que descrevem as características químicas da própria molécula de DNA. Um nível maior de resolução é obtido associando-se os genes a cromossomos específicos.

Postado por Clodoaldo Pereira de Mattos às 11:05

Marcadores: Genoma Humano.