Vivax decodificado

Biologia & Ciências

Enviado por: _aquiasvalasco@seed.pr.gov.br

Postado em:09/10/2008

Um grupo internacional de cientistas, com participação brasileira, seqüenciou o genoma do Plasmodium vivax, um dos parasitas causadores da malária em humanos.Saiba mais...

9/10/2008 Por Fábio de Castro Um grupo internacional de cientistas, com participação brasileira, seqüenciou o genoma do Plasmodium vivax, um dos parasitas causadores da malária em humanos. A análise está na edição desta quinta-feira (9/10) da revista Nature, que também publicou artigo sobre o seqüenciamento do Plasmodium knowlesi, feito por outro grupo. O artigo compara os genomas do Plasmodium vivax, do Plasmodium falciparum – os dois mais infecciosos agentes da malária em humanos –, do Plasmodium knowlesi, que infecta especialmente os macacos, e do Plasmodium yoelii, que afeta roedores. A conclusão é que o conteúdo genético e o potencial metabólico dos quatro agentes são muito parecidos, mas o vivax possui novas famílias de genes e estratégias alternativas de evasão até agora desconhecidas. O estudo constatou que, dos mais de 5.550 genes identificados, apenas cerca de 150 são genes específicos do vivax, que podem vir a ser alvos para novas pesquisas. O Plasmodium vivax é responsável por 25% a 40% dos cerca de 515 milhões de casos anuais de malária em todo o mundo. Embora raramente seja fatal, a doença provocada por ele é considerada uma carga importante sobre a saúde e a economia dos países endêmicos – em sua maioria nações de baixa renda. O Plasmodium vivax é a principal causa de malária fora da África, afetando especialmente a Ásia e as Américas. O Plasmodium falciparum, cujo genoma foi seqüenciado em 2002, provoca o tipo mais severo da doença. A decodificação do genoma foi liderada pelo Instituto de Pesquisa Genômica (TIGR, na sigla em inglês), dos Estados Unidos. O vivax havia sido pouco estudado até agora porque não pode ser continuamente propagado em laboratório. De acordo com um dos autores do artigo, Márcio Yamamoto, pesquisador do Departamento de Parasitologia da Universidade de São Paulo (USP), o vivax apresenta mecanismos alternativos de infecção dos eritrócitos, as células do sangue humano nas quais o parasita se multiplica durante seu ciclo vital. “O grupo brasileiro contribuiu com a verificação da expressão, em pacientes infectados com o Plasmodium vivax, de uma nova família multigênica. Acreditamos que essa família de genes, que ajudamos a descobrir, tem um papel central em uma estratégia do parasita para enganar o sistema imunológico”, disse à Agência FAPESP. O seqüenciamento do Plasmodium knowlesi, parasita da malária cujo hospedeiro natural é o macaco-caranguejeiro (Macaca fascicularis), foi coordenado por Arnab Pain, do Instituto Wellcome Trust Sanger, nos Estados Unidos. Apesar de atingir macacos, o agente tem sido reconhecido nos últimos 40 anos também como causador da malária em humanos. De acordo com o artigo publicado na Nature, trata-se do primeiro genoma de um parasita da malária em macacos a ser descrito. O trabalho, segundo os cientistas, “fornece uma oportunidade para comparação com outros genomas do Plasmodium”. Proteínas multigênicas A nova família multigênica do Plasmodium vivax foi descrita pela primeira vez em um estudo liderado pelo colombiano Hernando del Portillo Obando, que na época integrava o grupo na USP e foi coordenador do Projeto Temático “Aproximação genômica e pós-genômica ao estudo das malárias humanas de Plasmodium vivax e Plasmodium falciparum na Amazônia brasileira”, que teve apoio da FAPESP. Obando, que foi professor do Instituto de Ciências Biomédicas da USP, atualmente é pesquisador

do Centro de Pesquisas em Saúde Internacional de Barcelona, na Espanha. O trabalho foi publicado na Nature em 2001. “Essas proteínas multigênicas, bastante variantes, são produzidas pelo parasita e endereçadas para a membrana do eritrócito. Quando o hospedeiro produz os anticorpos, o parasita tem a capacidade de mudar a proteína expressa e, com isso, ilude o anticorpo”, explicou Yamamoto. Essas vias alternativas de infecção ainda não haviam sido observadas em pesquisas anteriores. Com a informação genética agora disponível, os cientistas poderão encontrar uma forma de aproveitar os achados para combater a malária. Yamamoto conta que o trabalho da equipe brasileira consistiu em verificar se as novas famílias de genes de fato estavam sendo expressas nas amostras de pacientes infectados com o Plasmodium vivax “Extraímos o RNA do plasmódio, fizemos a transcrição reversa e amplificamos esses genes. Esse material foi então clonado em plasmídeos bacterianos e esses clones que conseguimos amplificar foram seqüenciados aqui na USP. A análise foi enviada ao grupo que coordena o projeto no TIGR, que o utilizou na análise comparativa das quatro espécies de plasmódio”, explicou. Segundo o pesquisador, o grupo internacional verificou que o genoma do plasmódio em geral é bem conservado entre as quatro espécies. “As mesmas vias metabólicas aparecem nos quatro agentes. Um dos elementos que parecem fazer diferença são justamente as famílias de proteínas variantes”, disse. Yamamoto ressalta que, entre todos os pesquisadores que participaram do projeto, o grupo brasileiro foi o único pertencente a um país localizado em uma área endêmica da malária. Os outros são dos Estados Unidos, Inglaterra, Espanha e Austrália. O artigo Comparative genomics of the neglected human malaria parasite Plasmodium vivax, de Tony Freeth e outros, pode ser lido por assinantes da Nature em www.nature.com. Fonte:http://www.agencia.fapesp.br