

Mapeado o genoma do Schistosoma mansoni

Biologia & Ciências

Enviado por: Visitante

Postado em: 17/07/2009

Cientistas mapearam, pela primeira vez, o genoma do *Schistosoma mansoni*, parasita causador da esquistossomose, doença grave que atinge principalmente o Brasil e a África. Saiba mais...

Cientistas do Centro de Pesquisa René Rachou (CPqRR/Fiocruz Minas), em colaboração com grupos dos Estados Unidos, da Europa e da Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG) mapearam, pela primeira vez, o genoma do *Schistosoma mansoni*, parasita causador da esquistossomose, doença grave que atinge principalmente o Brasil e a África. De acordo com o biólogo Guilherme Oliveira, o que se espera com o sequenciamento do genoma é o uso de abordagens modernas para a pesquisa e desenvolvimento de novos medicamentos. Vacina contra a esquistossomose A partir desse trabalho, pode-se chegar à produção de uma vacina que combata a esquistossomose. "Até hoje, com os meios de investigação tradicionais, isso não pôde ser alcançado", afirma Oliveira, que esteve à frente do grupo da Fiocruz envolvido no projeto. Oliveira afirma que o sequenciamento genético do *Schistosoma mansoni* é um importante marco para a comunidade científica: "abrem-se agora perspectivas de exploração global do *Schistosoma*, o que nos permitirá novas abordagens para a total compreensão da biologia do organismo e o desenvolvimento de fármacos e vacinas". Milhões de pessoas em todo o mundo podem ser beneficiadas, especialmente aquelas que vivem em áreas endêmicas. A pesquisa, iniciada há cerca de 15 anos, teve financiamento proveniente dos Institutos Nacionais de Saúde dos Estados Unidos (NIH) e da Wellcome Trust Sanger Institute. O trabalho foi publicado na revista britânica Nature. Doença negligenciada A esquistossomose, causada pelo parasita *Schistosoma mansoni*, é uma doença negligenciada que afeta mais de 210 milhões de pessoas em 76 países, entre eles o Brasil. Até o momento não existe nenhuma vacina contra a doença e apenas uma droga disponível para tratamento de comunidades de áreas endêmicas. O trabalho revelou um genoma com 363 milhões de bases que codifica para mais de 11,5 mil genes. O sequenciamento deste genoma é importante pois permite que abordagens modernas de desenvolvimento de drogas e vacinas sejam utilizadas. O grupo da Fiocruz participou do projeto na análise dos genes na identificação de possíveis candidatos para o desenvolvimento de drogas e na produção de um banco de dados que permite o acesso pela comunidade científica à informação sobre o genoma do *S. mansoni*. Fonte: <http://www.diariodasaude.com.br>