Método permite obter genoma de 1 única célula

Biologia & Ciências

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

Postado em:26/12/2012

O Estado de S.Paulo Cientistas da Universidade Harvard anunciaram na última edição da revista Science o desenvolvimento de uma nova técnica de sequenciamento de DNA, capaz de sequenciar com precisão e cobertura adequadas o genoma completo de uma única célula. Um avanço com aplicações importantes no campo da medicina forense e da reprodução assistida, em que as amostras de DNA disponíveis para análise são bastante limitadas. Normalmente, o sequenciamento de um genoma humano exige uma amostra inicial de centenas ou milhares de células, que são "trituradas" para produzir uma sopa de fragmentos de DNA. Esses fragmentos são então copiados milhares de vezes (por meio de uma técnica chamada PCR), sequenciados um por um, e depois reagrupados na ordem correta por meio de sistemas computacionais - como se várias cópias de um mesmo quebra-cabeça fossem misturadas numa única caixa. O problema com amostras pequenas, de uma ou poucas células apenas, é que a taxa de erro inerente ao processo de cópia (amplificação) dos fragmentos se torna alta demais, a ponto de comprometer seriamente a confiabilidade da sequência final. Isso limita, por exemplo, a capacidade preditiva dos exames genéticos de diagnóstico pré-implantacional, baseados no DNA de uma única célula extraída de embriões in vitro para fins de reprodução assistida, quando os pais querem saber se o embrião é portador de alguma doença ou característica genética específica. Os cientistas de Harvard conseguiram superar essa limitação com um novo método, batizado de Malbac, baseado em uma sequência de ciclos de amplificação realizados em diferentes temperaturas e com diferentes "ingredientes" moleculares. Testes realizados com células tumorais individuais mostraram que, dessa forma, é possível sequenciar o genoma de uma única célula com resolução e amplitude suficientes para aplicações clínicas - entre elas, o estudo de variabilidade genética e taxas de mutação em células associadas a tumores, o que pode dar pistas importantes para o tratamento do câncer. A técnica ainda precisa ser testada e validada por outros pesquisadores. / H.E. Esta notícia foi publicada em 26/12/2012 no site www.estadao.com.br. Todas as informações nela contida são de responsabilidade do autor.