

## **Inovação matemática transforma gota de sangue em mina de informações médicas**

### **Matemática**

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

Postado em:30/03/2010

Cientistas da Universidade de Stanford, nos Estados Unidos, desenvolveram um algoritmo que permite que um equipamento comum de laboratório separe uma amostra de sangue em seus diferentes tipos de células e detecte alterações [...]

Por: Redação do Diário da Saúde Cientistas da Universidade de Stanford, nos Estados Unidos, desenvolveram um algoritmo que permite que um equipamento comum de laboratório separe uma amostra de sangue em seus diferentes tipos de células e detecte alterações na atividade genética medicamente importantes para qualquer um desses tipos de células. Um algoritmo é uma sequência de passos lógicos que pode ser incorporado em um programa de computador, permitindo a automatização de uma tarefa. No estudo, publicado na revista Nature Methods, os cientistas relataram o uso da nova técnica para identificar mudanças em um tipo de célula que sinaliza a possibilidade de que pacientes que recebem transplantes de rim possam rejeitar seus novos órgãos. Sem o software, estes genes sinalizadores de atividade teriam passado despercebidos. Microarray Os autores acreditam que a utilização do novo algoritmo pode ter aplicações além da rejeição de órgãos transplantados, permitindo que médicos identifiquem melhor o aparecimento de cânceres, de doenças genéticas e uma variedade de outros problemas médicos. O equipamento de laboratório, chamado de microarray, é uma ferramenta científica padrão, consistindo de um conjunto de minúsculos furos em uma placa de vidro, onde pequenas quantidades de amostra são colocadas para serem analisadas. Por serem extremamente miniaturizados e serem construídos com as mesmas técnicas utilizadas na fabricação dos processadores de computador, eles são também conhecidos como biochips. Nos furos são colocados sensores capazes de identificar diferentes sequências curtas de ácidos nucleicos - ou DNA, o material genético de toda a vida. Esse biochip pode ser imerso em um extrato de células vivas, tais como o sangue. Quando um sensor detecta uma sequência específica de ácido nucleico, o microarray transmite um sinal fluorescente, registrando a presença daquela porção de DNA. Análise do sangue O potencial para extrair informações importantes a partir de uma amostra de sangue cresceu rapidamente desde o advento do microarray, cerca de 15 anos atrás. Usando microarrays para medir o quão ativamente um gene está sendo "expresso", os cientistas podem detectar alterações clinicamente importantes em um tecido. Mas, até o desenvolvimento deste algoritmo de processamento, os cientistas e os médicos não têm sido capazes de usá-lo para obter informações clinicamente úteis partindo de uma amostra de sangue puro. A principal razão para essa deficiência é que a informação é obscurecida pela complexidade molecular do sangue, formado por uma multiplicidade de componentes grande demais para que o microarray seja eficiente. Expressão genética Conforme que esses biochips estão se tornando mais baratos e mais fáceis de operar, os microarrays estão próximos de se tornar uma ferramenta de uso generalizado para o diagnóstico clínico. Ainda assim, o sangue puro é uma grande dor de cabeça para um microarray. Uma única amostra contém dezenas de tipos de células, em diferentes níveis de maturidade ou em diferentes estágios de ativação. Uma mudança de expressão genética que, em um tipo de célula, significa que algo deu terrivelmente errado, pode, em outro tipo de célula, ser totalmente benigna, ou mesmo uma ativação sumamente necessária. Mas

um microarray não tem como saber de que tipo de célula veio um determinado trecho de ácido nucleico. Para tornar as coisas mais difíceis, a composição das amostras de dois pacientes diferentes - ou mesmo de duas amostras colhidas em momentos diferentes do mesmo paciente - variam drasticamente. Apesar de existirem técnicas para separar o sangue total em seus tipos celulares constituintes, esses métodos são demorados e caros demais para serem usados em diagnósticos clínicos de rotina. A solução veio com o novo algoritmo agora desenvolvido. O algoritmo consiste em um número muito grande de equações bastante simples, que permitem associar as alterações na expressão genética a cada tipo de célula sem precisar separar previamente o sangue em seus constituintes. Este conteúdo foi acessado em 31/03/2010 do sítio Diário da Saúde. Todas as modificações posteriores são de responsabilidade do autor original da matéria.