

AlphaServers ES40 e DS20

no Projeto Genoma Humano do Câncer

Image Bank

“As soluções Compaq são estratégicas para nossa pesquisa. A quantidade de dados gerada por pesquisas como a do Projeto Genoma Humano do Câncer suscitam múltiplos tipos de interesses científicos. Equipamentos como os servidores AlphaServer atendem a essas necessidades”

6

Sergio Verjovski,
Professor Titular do Instituto de Química da Universidade de São Paulo e Coordenador de um dos centros de seqüenciamento do Projeto Genoma Humano do Câncer

O Projeto Genoma Humano do Câncer é uma das destacadas pesquisas biotecnológicas conduzidas no país. São mais de 30 grupos de estudos distribuídos por todo o estado de São Paulo, responsáveis pela produção de um milhão de seqüências de genes humanos – um trabalho de nível internacional, em que os servidores AlphaServer e os serviços profissionais da Compaq desempenham, desde o princípio das pesquisas, papel fundamental.

Iniciado em junho de 1999, o projeto é um desdobramento das pesquisas de decodificação do genoma humano realizadas a partir de 1991 nos Estados Unidos, assim como uma contribuição com projetos similares, desenvolvidos em outras partes do mundo. No total, foram pesquisados mais de 20 tecidos humanos (normais e tumorais) com o objetivo de identificar os genes responsáveis pelas mutações que originam o câncer.

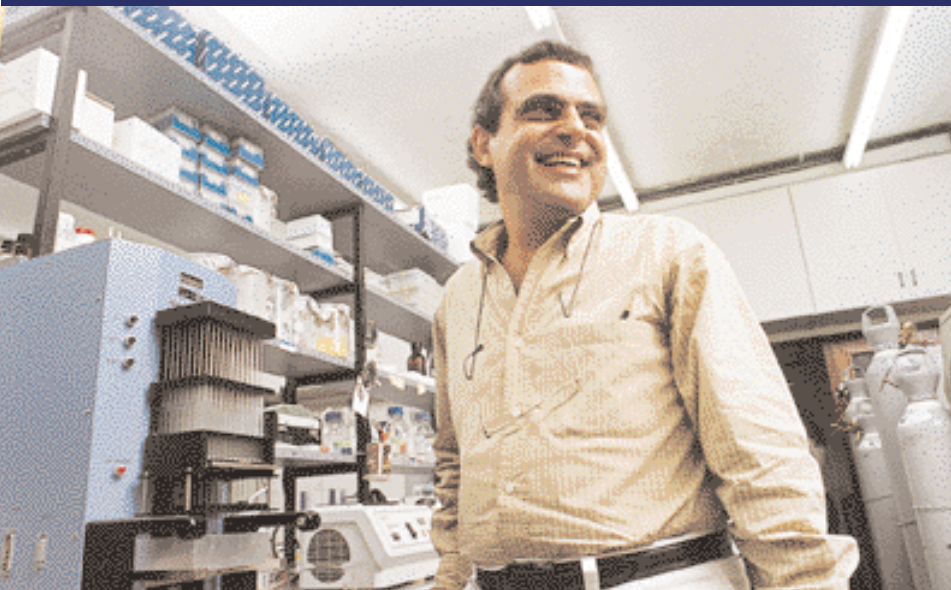
Com um milhão de seqüências genéticas obtidas, se realiza a análise comparativa, em que os cientistas buscam reduzir as inúmeras seqüências a um conjunto único, por meio da eliminação de redundância, de erros de clonagem, identificação de variações individuais e indicação das maiores probabilidades de encaixe – tarefas possibilitadas pelos servidores Compaq AlphaServer ES40 e AlphaServer DS20 customizados para essas aplicações, juntamente com ferramentas de computação específicas.

“Buscamos produzir o seqüenciamento mais longo possível e identificar as funções dos genes nele contidos. Por meio da computação, obtemos um conjunto de clones representativo da maioria dos genes humanos expressos”, afirma o Professor Sergio Verjovski, Professor Titular do Instituto de Química da Universidade de São Paulo e Coordenador de um dos centros de seqüenciamento do projeto.

Em outra etapa importante do projeto, o Instituto Ludwig recebe o resultado das pesquisas e registra as novas seqüências em uma espécie de banco genético, onde os novos conjuntos de genes se tornam de domínio público. “No projeto Genoma Humano do Câncer, obtivemos 30% de seqüências totalmente novas, que necessitam de caracterização experimental adicional para se descobrir a função”, complementa Verjovski.

A importância da bioinformática

De acordo com o Professor Sergio Verjovski, pioneiro na utilização da bioinformática na USP, a importância dos sistemas computacionais não pára de crescer na área biotecnológica: “Com a conclusão do mapeamento do genoma humano, cresce a necessidade de computação. Agora, as três bilhões de bases das seqüências anotadas pelo projeto têm de ser reunidas. Somente com o auxílio de computadores de grande porte é possível identificar onde cada uma delas se encaixa com maior fidelidade”.



Bruno Schultze

Futuro

De um milhão de seqüências inicialmente produzidas pôde-se gerar um conjunto de cerca de 50.000 seqüências únicas a serem estudadas. Desde o ano 2000, o Projeto Genoma busca identificar os genes envolvidos com doenças malignas, bem como a repercussão dos métodos de tratamento na expressão dos genes. No Instituto de Química da USP estão sendo realizados estudos com amostras cirúrgicas de pacientes que sofriram e foram tratados de câncer nos pulmões e na próstata – primeira e terceira causas de morte por câncer no homem, respectivamente.

“Nossos estudos reforçam a tese de que vários genes são responsáveis pelo surgimento do câncer. Em um curto prazo, será possível identificar novos genes candidatos a marcadores de diagnóstico de câncer, possibilitando eventualmente o mapeamento genético de cada paciente e, no futuro, realizar um tratamento individualizado”, afirma Verjovski.

Atuação destacada

Com o início das pesquisas biotecnológicas no Brasil, como o Projeto Genoma Humano do Câncer, os grupos de pesquisas precisam montar uma eficiente infra-estrutura de TI. Graças a políticas e investimentos específicos para o mercado biotecnológico, a Compaq fornece, desde 1998 – por intermédio da revenda AMR, equipamentos e serviços para pesquisas biotecnológicas desenvolvidas no país. São servidores AlphaServer ES40 e AlphaServer DS20, serviços profissionais de *sizing* e configuração desses equipamentos, que posicionam a Compaq como a principal fornecedora de TI para o setor.