Estrutura de proteína descoberta por jogadores na internet

O início da era dos cidadãos cientistas?

O Grupo ‘The contender’ composto por pessoas de pelo menos três Continentes descobriu qual a conformação de uma proteína que intrigava a comunidade científica há dez anos. Normalmente a descoberta científica é feita entre paredes, por grupos de cientistas que trabalham em laboratórios. Desta vez a descoberta coube a um conjunto de pessoas que jogavam um jogo na internet, o *Foldit*. Será que a autoria das descobertas científicas do futuro vai ser assim partilhada por cidadãos?

A descoberta da conformação da proteína em causa foi publicada na prestigiada revista Nature Structural and Molecular Biology dia 18 de Setembro. Este mistério já tinha dez anos de idade. E foi resolvido de uma forma inusitada, com um método inovador. A partir de um software, um jogo na internet, um grupo de pessoas ao brincar com a proteína que nada no seu ecrã ganharam pontos, muitos pontos. O Grupo de nome *lutador* ou o *competidor* (‘The contender’) é um dos muitos participantes no jogo online *Foldit*. Este jogo foi criado por David Baker com o propósito especial de ter uma ajudinha na descoberta da estrutura tridimensional de proteínas.

As proteínas têm como blocos de construção os aminoácidos, dos quais conseguimos descobrir facilmente a identidade e sequência… Mas como é que estes se arranjam na estrutura final chamada de terciária? Há sempre grupos químicos que são mais “amigos” da água enquanto outros são, pelo contrário, hidrofóbicos. Estes grupos com propriedades e tamanhos diferentes arranjam-se na sequência proteica, escondendo ao máximo os grupos hidrofóbicos, obtendo assim o estado óptimo de energia na sua estrutura final. Cada proteína tem assim no seu código um puzzle que se pode provar fácil de decifrar ou difícil de resolver.

A proteína desta descoberta é uma protease retroviral do *vírus dos macacos de Mason-Pfizer* e a sua estrutura era um mistério já há 10 anos. A sua descoberta pode ter um impacto no desenvolvimento de fármacos anti-retrovirais, como anti-HIV. E tudo a partir de um jogo de computador.

O *Rosetta@home* é um software que funciona como protector de ecrã em computadores. Enquanto alguém deixa o computador por alguns instantes, este começa a executar complexos cálculos matemáticos para desvendar estruturas de proteínas. No ecrã dançam as moléculas. Baker começou a receber e-mails de utilizadores que se queixavam da falta de interacção. Enquanto passeava com o seu amigo David Salesin pelo Monte Rainier, vulcão imponente a sudeste de Seattle, Estados Unidos, os dois reflectiam sobre este problema. Quem tinha o *Rosetta@home* no computador queria poder interagir com a proteína no ecrã, deslocar um braço de amino-ácidos ou empacotar a molécula numa forma mais coesa. A certa altura, Baker comentou: “Se pudéssemos só deixá-los agarrar a proteína e faze-lo eles próprios eles ficariam verdadeiramente contentes”.

Agora e enquanto brincavam com a proteína no *Foldit* desenhado por Baker, os “lutador” são co-autores de uma importante descoberta. Rhiju Das, que fez pós-doutoramento no laboratório de Baker, leva a questão mais além. “Será que conseguimos transformar 10,000 ou 100,000 pessoas em cidadãos cientistas que desenvolvem hipóteses, fazem experiências e depois refinam as suas hipóteses?”. Eu gostava de experimentar. E você? Quer fazer ciência?

João Cão

Ciência na Imprensa Regional – Ciência Viva