



**Universidade do Estado do Rio de Janeiro**  
Centro Biomédico  
Instituto de Biologia Roberto Alcântara Gomes

Bruno Vinicius Ximenes de Oliveira

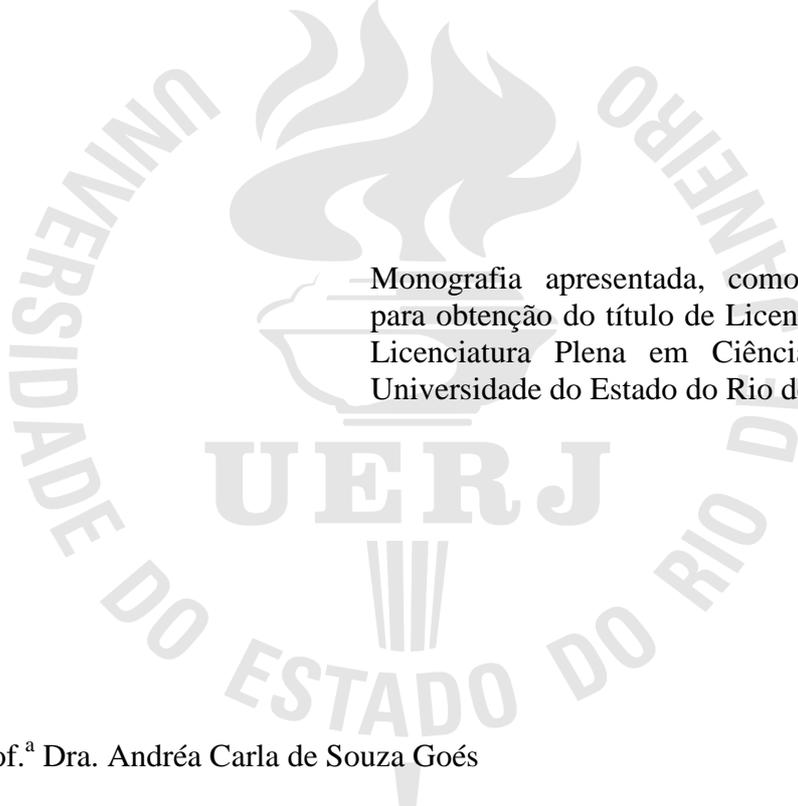
**Ecos deterministas na divulgação científica: um retrato do Projeto Genoma  
Humano na revista Ciência Hoje**

Rio de Janeiro

2011

Bruno Vinicius Ximenes de Oliveira

**Ecos deterministas na divulgação científica: um retrato do Projeto Genoma Humano na revista Ciência Hoje**



– Monografia apresentada, como requisito parcial para obtenção do título de Licenciado, ao Curso de Licenciatura Plena em Ciências Biológicas, da Universidade do Estado do Rio de Janeiro.

Orientadora: Prof.<sup>a</sup> Dra. Andréa Carla de Souza Goés

Rio de Janeiro

2011

### CATALOGAÇÃO NA FONTE

O48 Oliveira, Bruno Vinícius Ximenes de.

Ecos deterministas na divulgação científica: um retrato do Projeto Genoma Humano na revista Ciência Hoje / Bruno Vinícius Ximenes de Oliveira. – Rio de Janeiro, 2011.

102 f.

Orientadora: Andréa Carla de Souza Góes.

Projeto final apresentado ao Instituto de Biologia Roberto Alcântara Gomes da Universidade do Estado do Rio de Janeiro, como requisito para obtenção de grau de licenciado em Ciências Biológicas.

1. Genética. 2. Divulgação científica – Periódicos. 3. Genoma Humano. 4. Determinismo genético. 5. Pesquisa científica. I. Góes, Andréa Carla de Souza. II. Universidade do Estado do Rio de Janeiro. Instituto de Biologia Roberto Alcântara Gomes. III. Título.

CDU 001.891:575.113

Autorizo, apenas para fins acadêmicos e científicos, a reprodução total ou parcial desta monografia, desde que citada a fonte.

---

Assinatura

---

Data

Bruno Vinicius Ximenes de Oliveira

**Ecos deterministas na divulgação científica: um retrato do Projeto Genoma Humano na revista *Ciência Hoje***

Monografia apresentada, como requisito parcial para obtenção do título de Licenciado, ao Curso de Licenciatura Plena em Ciências Biológicas, da Universidade do Estado do Rio de Janeiro.

Aprovada em 02 de dezembro de 2011.

Banca Examinadora:

---

Prof.<sup>a</sup> Dra. Andréa Carla de Souza Góes (orientadora)  
Instituto de Biologia Roberto Alcântara Gomes – DECB/UERJ

---

Prof. Dr. Milton Ozório Moraes  
Instituto de Biologia Roberto Alcântara Gomes – DBB/UERJ

---

Prof.<sup>a</sup> Dra. Nívea Dias Amoêdo  
Instituto de Bioquímica Médica - UFRJ

Rio de Janeiro

2011

## DEDICATÓRIA

A meus pais, Aristeu Ribeiro e Maria Dalva Ximenes (*in memoriam*), pela atenção a minha vida, construção moral e trajetória escolar. A semente outrora plantada hoje rende frutos.

Aos professores que marcaram minha vida, sejam nas artes, ciências, história, literatura, linguagem ou matemática. Não contribuíram apenas no meu caminho profissional, mas na formação de um cidadão intelectual e crítico, que pelo conhecimento tenta transformação na sociedade.

A Lucia Maria Dantas Gomes, a quem detenho respeito e gratidão eternos, por me convencer de que poderia SIM entrar numa universidade pública e SIM concluir um curso superior. Esta é a prova de que mais uma vez estava correta.

## AGRADECIMENTOS

À Prof.<sup>a</sup> Andréa Góes, minha orientadora e questionadora, pela (colossal) paciência com as transformações desse projeto, donde sempre viu um potencial que por muitas vezes desacreditei. Sua orientação possibilitou apresentar meu trabalho de forma elegante e informativa, possibilitando flexibilizar minha empolgação dissertativa em estrutura mais acadêmica e de bela estética, porém sem matar minha identidade textual.

À Prof.<sup>a</sup> Lia Garcia, amiga e mentora, por todo o auxílio emocional e material no decorrer de minha graduação. Nossas discussões resgatavam-me dos dedos de zinco de um mundo de RNA, que alimentara as interações inter-específicas entre as cadeias carbonadas com origem em biomassa fotossintetizada de uma Biologia a se encaixar num universo físico químico em constante evolução. Da conjectura política às artes, história e cultura, e claro educação, foi o alimento de minha alma em momentos em que temia cair por inteiro no buraco negro do universo científico, de variáveis contínuas e discretas tendendo ao infinito, cujas elocubrações trazem tantas possibilidades factíveis que o tempo de raciocinar sobre elas tende a zero.

Aos professores Francisco Figueiredo e Ricardo César Cardoso, por me apresentarem outras perspectivas ao que convencionei chamar de Ciência e Conhecimento. Provar do fruto da árvore do bem e do mal lançou-me inúmeras vezes à mais tortuosa prisão do inferno descrito por Dante. Porém retornei, crítico da prática que compartilho com meus colegas de formação, buscando a práxis abandonada pelo século XX, com crítica filosófica, como faziam Newton, Saint-Hillaire ou Bohr. Uma conjectura que permite discutir o saber *per se*, analisando os limites da Ciência quanto ao objetivo de se chegar ao Conhecimento.

À meus professores, e amigos, tanto de meu ensino médio quanto da UERJ e de escolas em que por efêmeros momentos *atuei* como docente. Suas referências me forneceram subsídios para a bricolagem de minha identidade profissional: uma quimera de peculiar linguajar, que continuamente almeja alimentar a cultura de seus interlocutores, e trazer importância a isso, como todo professor de ciências.

À minha turma, original (2007/1) e construída (outros períodos e cursos que marquei presença) e a todos os outros inúmeros colegas e amigos, da Biologia, Geografia, Ciências Sociais ou demais áreas. Ajudaram a tornar mais alegre minha tortuosa experiência como aluno de universidade pública estadual.

Ao bibliotecários, técnicos-administrativos e demais pessoal da comunidade UERJiana ou de fora dela, como meus parentes, onde a ausência de ajuda em problemas de ordem

instrumental material ou informacional me eliminariam precocemente em minha jornada acadêmica.

Aos bibliotecários da Rede Sirius - Biblioteca Comunitária, CCMN-UFRJ e do MAST, pela atenção e paciência, assim como a flexibilização em normas burocráticas. Esta possibilidade permitiu ter acesso ao material de meu estudo em um tempo ainda menor que o muito tempo que passei na aquisição de material. Dentre esses, destaco a bibliotecária Filomena do MAST, na atenção em fotocopiar oito anos ininterruptos de minha série temporal, com preocupação em evitar quaisquer omissões.

À Prof.<sup>a</sup> Marly Veiga, trindade de amabilidade, energia e competência, cuja simpatia me fez sempre me sentir bem vindo ao departamento de ensino. Esta possibilitou conhecer quem convencionei chamar de “pessoal da Marly”, da sala 503, importantes em minha jornada pela receptividade incondicional, assim como amizade e, claro, pelo café com biscoitos.

À família do LARAMG, pela simpatia e companheirismo expressos. Ao Prof. Antonio Carlos, por me dar liberdade a utilizar das instalações de lá para desenvolver atividades que não bem são de lá, como vários capítulos dessa monografia. Ao Prof. Heitor, orientador em assuntos locais e globais, pela paciência em minha vida dupla.

A todos que não foram citados nos parágrafos acima, porém que auxiliaram de alguma maneira pelos, ora belos campos, ora sendas sinuosas, caminhos de meus anos de graduação. Toda ajuda que recebi foi muito importante, não poucas vezes essencial. Isso me deu forças a encarar a Seleção Natural da vida acadêmica, as tribulações de um alienígena em um mundo distinto do seu, a Universidade.

O universo não foi feito à medida do ser humano, mas tampouco lhe é adverso: é-lhe indiferente.

*Carl Sagan*

## RESUMO

OLIVEIRA, Bruno Vinícius Ximenes. *Ecos Deterministas na Divulgação Científica: um retrato do Projeto Genoma Humano na revista Ciência Hoje*. 2011. 102 f. Monografia (Licenciatura Plena em Ciências Biológicas) - Instituto de Biologia Roberto Alcântara Gomes, Universidade do Estado do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, 2011.

Em fevereiro de 2001 o mundo foi apresentado a uma perspectiva diferente de nosso material genético. O rascunho do genoma humano veio a balizar uma gama de projeções alimentadas por uma década de euforia, lançando mais questões que respostas, e grande frustração. Parte do otimismo era fruto de uma interpretação reducionista do Projeto Genoma Humano (PGH) e sua tecnologia, herança do determinismo que há muito tempo acompanha a biologia e a genética. Acontecimentos como esse reforçam a necessidade de remodelar nossa concepção de ciência, a abarcar as transformações que ocorrem na sociedade em decorrência das revoluções científicas que caracterizam o século passado e início deste. No tocante da divulgação científica, essa conscientização é dificultada pelo perfil de seus atores, cientistas, com afinidade em ciência, porém não em comunicação, e jornalistas, competentes no discurso, não em ciência. Também pelo público, de incipiente alfabetização científica, a interpretar essa divulgação sem criticidade, levado pela tendenciosidade decorrente de argumentos equivocados. Como tradicional revista especializada em divulgação científica, espera-se que a Ciência Hoje (CH), sob a chancela da SBPC, seja isenta em parte desses equívocos, considerando sua equipe editorial composta por comunicadores cientistas e jornalistas. Pioneira na popularização de ciência no Brasil, compromete-se em divulgar novidades da pesquisa acadêmica ao público leigo. Sob esses pressupostos, este trabalho analisou a divulgação do PGH através da CH de dezembro de 1984 a dezembro de 2010, intervalo que compreende a motivação do sequenciamento, fundação da NHGRI e HuGO e prosseguimento do PGH, a rivalidade com a empresa privada *Celera Genomics*, publicação do primeiro rascunho e consequências do projeto. Objetivou-se investigar a divulgação deste empreendimento e seu impacto à biologia moderna pela perspectiva de suas publicações, caracterizando a abrangência de divulgação desta temática e suas transformações, além de identificar deturpações hiperbólicas ou deterministas acerca do sequenciamento e suas consequências. Observou-se que o periódico cumpriu seu papel de divulgação do projeto desde seu início, porém a revista não se isentou da euforia inicial do sequenciamento. Na primeira metade da década de 90 foi identificada uma perspectiva salvacionista, eventualmente tecnocrática, tanto na descrição, quanto nas perspectivas éticas dos resultados do PGH. Este comportamento foi se modificando conforme se aproximava a liberação do rascunho do genoma em 2000. Neste ano, houve o maior número de publicações na CH que tinham por tema o projeto. Um genoma de aproximadamente 30 mil genes, muito menos que o esperado, lançou dúvidas a hipóteses pré-estabelecidas na ciência do DNA. O genoma passou de ápice para base do conhecimento biotecnológico. O século 21 foi caracterizado por um discurso mais conciso e realista do PHG, apresentado o proteoma e outros *omas*, que viriam para responder as novas questões da biologia molecular. Aos poucos o genoma tornou-se assunto clássico, a ilustrar outros artigos da área, diluído em meio ao cotidiano científico.

Palavras-chave: Divulgação Científica. Revista Ciência Hoje. Projeto Genoma Humano. Determinismo Genético.

## ABSTRACT

In February 2001 the world was introduced to a different perspective of our genetic material. The draft of the human genome came to mark out a range of projections fueled by a decade of euphoria, releasing more questions than answers, and great frustration. Part of the optimism was the result of a reductionist interpretation of the Human Genome Project (HGP) and its technology, the legacy of a determinism that has been so long attached to biology and genetics. Events like this reinforce the need to revise our conception of science, to embrace the changes that occur in society as a result of scientific revolutions that characterized the last century and beginning of this. In terms of popularization of science, this awareness is hampered by the profile of its actors, scientists, with affinity in science, but not in communication, and journalists, competent in speech, not in science. Also, the public, of incipient scientific literacy, risks to interpret this popularization without criticism, taken by the tendentiousness elapsed to wrong arguments. As traditional magazine in science popularization, it is expected that the *Ciência Hoje* (CH), under the auspices of the SBPC, be in part free of errors, considering its editorial team composed of scientists and journalists communicators. As a pioneer in the popularization of science in Brazil, it is committed to disseminate news of academic research to the public. Under these assumptions, this study analyzed the release of HGP in CH, through December 1984 to December 2010, the range that includes the motivation of sequencing, NHGRI and HuGO foundation and continuation of the HGP, the rivalry with the private company Celera Genomics, publication of the first draft and consequences of the project. This study aimed to investigate the dissemination of this project and its impact on modern biology from the perspective of its publications, characterizing the scope of divulgation of this subject and its transformations, in addition to identifying hyperbolic or deterministic misrepresentations about the sequencing and its consequences. It was observed that the magazine has fulfilled its role of disseminating the project since its beginning, but it was not exempted from the initial euphoria of the sequencing. In the first half of the 90ths, it was identified a salvationist perspective, eventually technocratic, both in the description and in the ethical perspectives of the HGP results. This behavior has been gradually modified as the release of genome draft reached the 2000 year. At this year, the HGP had the largest number of publications in CH. A genome of approximately 30,000 genes, far less than the expected inspired doubts on the pre-established hypothesis in the science of DNA. The genome passed from summit to the base of the biotechnological knowledge. The 21<sup>st</sup> century was characterized by a more concise and realistic speech of the HPG, introducing the proteome and other *omes*, which would respond to new questions of molecular biology. Gradually the genome has become a classic subject, to illustrate other items in this area, diluted in the midst of everyday science.

Keywords: Popularization of Science. *Ciência Hoje* Magazine. Human Genome Project. Genetic Determinism.

## LISTA DE FIGURAS

Figura 1 –	Capas dos periódicos <i>Nature</i> e <i>Science</i> , respectivamente 15 e 16 de fevereiro de 2001 (v.409, n.6822 e v.291, n.5507). .....	17
Figura 2 –	Ocorrência dos artigos identificados como divulgação e debate da proposta do Projeto Genoma Humano, durante o período de novembro /dezembro de 1984 a dezembro de 2010. ....	48
Figura 3 –	Frequência do aparecimento dos temas sequenciamento completo do genoma e o Projeto Genoma Humano (PGH) como central ou relevante nos artigos da revista <i>Ciência Hoje</i> (CH), durante o período de novembro/dezembro de 1984 a dezembro de 2010. ....	49
Figura 4 –	Ilustração esquemática das informações genéticas em uma célula: à medida que os estudos celulares avançam, aumenta-se sua complexidade molecular. ....	93

## LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Artigos da revista Ciência Hoje identificados como divulgação e debate da proposta do Projeto Genoma Humano, durante o período de novembro/dezembro 1984 a dezembro de 2010. ....	47
--	----

## LISTA DE FICHAS

Ficha I –	Decifrando genes humanos (1987). .....	51
Ficha II –	Cromossomo Y (1993). .....	54
Ficha III –	A megaciência dos genes (1993). .....	56
Ficha IV –	O primeiro mapa do genoma (1994). .....	58
Ficha V –	Como enfrentar os problemas éticos do Projeto Genoma Humano? (1994). .....	61
Ficha VI –	Combate a doenças tropicais (1994). .....	62
Ficha VII –	O passo seguinte do genoma (1998). .....	64
Ficha VIII –	O 22 já foi, só faltam 22 (2000). .....	66
Ficha IX –	Proteoma: o desafio tecnológico do século 21 (2000). .....	68
Ficha X-	A importância dos estudos sobre o cromossomo 21 (2000). .....	70
Ficha XI –	Genoma decifrado, trabalho dobrado (2000). .....	72
Ficha XII –	As promessas e os riscos (2000). .....	74
Ficha XIII –	Rumo ao proteoma (2001). .....	77
Ficha XIV –	Os desafios do Proteoma (2003). .....	79
Ficha XV –	Ser ou não ser Homo?(2003). .....	81
Ficha XVI –	As modas da ciência (2004). .....	83
Ficha XVII–	Ética e Genética (2004). .....	84
Ficha XVIII –	Sobre bioinformática, genoma e ciência (2004). .....	86
Ficha XIX–	O ponto X do sexo (2005). .....	87
Ficha XX-	DNA Não-Codificador: o lixo que vale ouro (2006). .....	89

## LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

ABJC–	Associação Brasileira de Jornalismo Científico
CB–	Correio Brasiliense
CH–	Revista Ciência Hoje
CNPq –	Comissão Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico
DNA –	Deoxyribonucleic acid (Ácido desoxirribonucléico)
DOE –	Department of Energy (Departamento de Energia dos Estados Unidos)
Finep –	Financiadora de Estudos e Projetos
HGP –	Human Genome Program (Programa para o Genoma Humano)
HuGO –	Human Genome Organization (Organização para o Genoma Humano)
ICH –	Instituto Ciência Hoje
Laser –	Light Amplification by Stimulated Emission
MAST–	Museu de Astronomia e Ciências Afins
NHGRI–	National Human Genome Research Institute (Instituto Nacional de Pesquisas do Genoma Humano – Estados Unidos)
NIH –	National Institute of Health (Instituto Nacional de Saúde dos Estados Unidos)
PGH –	Projeto Genoma Humano
SBPC –	Sociedade Brasileira para o Progresso da Ciência
UERJ –	Universidade do Estado do Rio de Janeiro
UFRJ –	Universidade Federal do Rio de Janeiro
UNIRIO –	Universidade Federal do Estado do Rio de Janeiro

## SUMÁRIO

<b>INTRODUÇÃO</b> .....	13
<b>1. ADMIRÁVEL PROJETO GENOMA HUMANO</b> .....	13
<b>2. RAÍZES DE UM DETERMINISMO BIOLÓGICO</b> .....	21
<b>3. MÍDIA, DIVULGAÇÃO CIENTÍFICA E O GENOMA</b> .....	31
<b>4. OBJETIVOS</b> .....	40
<b>5. METODOLOGIA</b> .....	42
<b>6. RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	44
<b>6.1. Análise quantitativa</b> .....	46
<b>6.2. Análise qualitativa</b> .....	50
<u>6.2.1. Década de 80</u> .....	50
<u>6.2.2. Década de 90</u> .....	52
<u>6.2.3. Década de 00</u> .....	76
<b>7. CONCLUSÃO</b> .....	91
<b>REFERÊNCIAS</b> .....	95
<b>ANEXO A</b> .....	103
<b>ANEXO B</b> .....	104

## INTRODUÇÃO

### 1. ADMIRÁVEL PROJETO GENOMA HUMANO<sup>1</sup>

Em 26 de junho de 2000, às 11h20min horário de Brasília, o então presidente norte-americano Bill Clinton, e o primeiro-ministro britânico Tony Blair apresentavam ao mundo um fato marcante para a história da ciência, a conclusão do primeiro rascunho do genoma humano. Fruto de um grande esforço internacional, que envolvia centenas de pesquisadores e diversos laboratórios, públicos e privados, a população mundial agora poderia compartilhar com entusiasmo as expectativas que esta informação carregava, o prelúdio de uma revolução às ciências biomédicas, exposto por dois importantes arautos, acompanhados das duas principais personalidades deste episódio. Estes eram Francis Collins, médico geneticista, na época a frente do consórcio público internacional Projeto Genoma Humano (PGH), vinculado ao Instituto Nacional de Saúde dos Estados Unidos (NIH), e J. Craig Venter, biólogo renomado, principal pesquisador e sócio da companhia *Celera Genomics*, empresa privada, cujo objetivo também era o completo sequenciamento do genoma de nossa espécie. No salão de cerimônias da Casa Branca, estes se cumprimentavam e eram saudados pelos líderes nacionais e por todos, representando a gratidão da sociedade frente às perspectivas do sequenciamento do genoma. Especulavam-se as possibilidades deste conhecimento para com a melhoria de vida de milhares de pessoas e a salvação de inúmeras vidas. Este aparentemente pacífico episódio encerrava uma acirrada disputa, que mobilizou uma década e aproximadamente 3 bilhões de dólares por parte do consórcio público, e pouco menos de um ano e declarados 200 milhões por parte da empresa privada e seus colaboradores (PRONIN, 2010).

Mais que rivalidade científica entre laboratórios e pesquisadores, os diferentes interesses dos dois empreendimentos alimentavam essa corrida pelos resultados. O primeiro, tinha o objetivo de disponibilizar publicamente esta informação à comunidade científica e leiga. O segundo, interessava-se na aplicação financeira e no lucro em potencial através de patentes desta informação (SULSTON, 2004). Em sua coluna no portal *Ciência Hoje*, Sergio Pena caracterizou de forma clara e sucinta o perfil dos dois projetos:

---

<sup>1</sup> O título faz referência ao artigo de CORRÊA, M. V. **O Admirável Projeto Genoma Humano**, v.12, n°2, p. 277-299, 2002.

*“O projeto público, internacional, sob a batuta de Francis Collins nos Estados Unidos e John Sulston na Inglaterra, era cuidadoso, meticuloso, voltado para a aquisição de dados seguros, construindo o genoma humano cromossomo por cromossomo. Já o projeto da Celera era rápido, arriscado, intensivo em computação, propondo-se a sequenciar todo o genoma de uma vez.”* (PENA, 2010)

A pesquisa acompanhava um grande espírito de otimismo, propagado por seus desenvolvedores, despertando conseqüentemente grandes esperanças ao resultado do investimento na maior e possivelmente primeira *Big Science* das ciências biológicas, um grande empreendimento em pesquisa científico-tecnológica. As expectativas compartilhadas e propagadas podem ser exemplificadas em discursos de cientistas, como Venter e John Sulston ou políticos como Bill Clinton e Tony Blair, que em suas hipóteses metafóricas contribuiriam para a grande frustração gerada com os resultados do PGH (CRUZ e BARBOSA, 2000):

*“Veremos este período como um momento histórico para toda a humanidade.”*  
(VENTER, em CRUZ e BARBOSA, 2000).

*“Imaginei que decifrar o genoma fosse comparável à invenção da roda, mas estava errado. É mais do que isso. A tecnologia pode tornar a roda obsoleta, mas esse código resistirá enquanto a humanidade existir.”* (SULSTON, em CRUZ e BARBOSA, 2000).

*“É sem dúvida, o mais importante, o mais fantástico mapa já produzido pela humanidade.”* (CLINTON, em CRUZ e BARBOSA, 2000).

*“Não há dúvida sobre o que testemunhamos: uma revolução na medicina cujas implicações superam as da descoberta dos antibióticos.”* (BLAIR, em CRUZ e BARBOSA, 2000).

A ideia de um mapeamento do genoma surgiu em 1984. Em dezembro desse ano, em uma reunião do Departamento de Energia dos Estados Unidos (DOE), a proposta do sequenciamento do DNA se mostrava um instrumento em potencial para a detecção de mutações em indivíduos sobreviventes da bomba atômica (PORCIONATTO, 2007).

Iniciado oficialmente em 1989, o Projeto Genoma Humano foi lançado como um esforço internacional em prol do total sequenciamento da informação genética do Homem. O projeto estava sob a direção de um dos responsáveis pela descrição da estrutura em dupla hélice da molécula de DNA, James Watson, que desde o ano anterior tomara a frente no Instituto Nacional de Pesquisas do Genoma Humano (NHGRI), subordinado aos NIH

(LEITE, 2006). Watson tinha como principal objetivo garantir o apoio necessário a este audacioso projeto, um empreendimento de dimensões grandes e incomum às Ciências Biológicas. Dentro do país, o DOE foi um importante parceiro, interessado na informação em potencial para pesquisas dos efeitos da radiação nuclear na saúde humana. Fora do país, a fundação da *Human Genome Organization* (HuGO) garantiu a coordenação multinacional do projeto. A estimativa de custo era de 1 dólar por base de DNA sequenciada (PENA, 2010), que projetava uma pesquisa onerosa, e o grande volume de informação a ser revelada sugeria pelo menos 15 anos para sua conclusão.

A pesquisa era contínua, porém lenta. Foi curto o período em que Watson dirigiu o projeto. Devido a um conflito ideológico entre esse e a cúpula dos NIH, devido a vários pedidos de patentes referentes a fragmentos de genes sem função conhecida, requeridas a partir de junho de 1991 pelo até então pouco conhecido pesquisador desta instituição J.C. Venter, ele deixou o cargo, em 1992. Foi substituído por outro pesquisador cujo perfil e discurso em muito diferia de Watson: Francis Collins (LEITE, 2006).

As expectativas de Watson centravam-se no autoconhecimento, ou seja, a criação de uma ferramenta para desvendar o que ainda desconhecemos em nossa estrutura e natureza através de uma nova ótica, a genômica. Em contrapartida, Collins direcionou as perspectivas pós-sequenciamento com um discurso de esperança, prevendo os benefícios que levariam a cura de diversas doenças congênitas e grande avanço às pesquisas biomédicas. Roberts (2001) apresenta a perspectiva de Collins como um estímulo à caça de genes, sob a justificativa da cura de doenças pelo sequenciamento de genes a estas relacionados. *Porém é fato que, achar um gene era algo muito diferente de ter um tratamento, muito menos uma cura* (ROBERTS, 2001).

O discurso de Collins se baseava nas diversas pesquisas genéticas que cercaram o sequenciamento do genoma na década de 90. Antecedendo o mapeamento, diversos genes associados a raros defeitos congênitos foram identificados, dentre eles, o da fibrose cística, através do próprio Collins. A evolução do PGH caminhou paralelamente com o avanço da tecnologia laboratorial de sequenciamento, caracterizando crescente velocidade e eficiência a cada novidade tecnológica empregada. O que antes consumia anos passava a consumir meses. As perspectivas de finalização tornavam-se cada vez mais próximas. Para 2005, esperava-se identificar totalmente os estimados 3 bilhões de pares de bases de DNA, distribuídos em 23 pares de cromossomos, os quais conteriam por volta de 70 000 a 100 000 genes (PENA e AZEVÊDO, 1998). No decorrer do projeto, porém, houve uma alteração de planos em meio a imprevistos externos à pesquisa.

Em maio de 1998, Venter anunciou que a empresa privada *Celera Genomics*, uma *joint-venture* formada através do apoio capital da empresa de equipamentos e suprimentos Perkin Elmer, sequenciaria todo o genoma mais rápido do que o consórcio público composto por laboratórios dos Estados Unidos, Japão e Inglaterra entre outros, terminando em 2001, contra o final então previsto pelo consórcio para 2003 (PORCIONATTO, 2007). Sua tecnologia inovadora, o *whole-genome shotgun*, empregada com sucesso no sequenciamento do genoma da *Drosophila melanogaster* (ADAMS *et al.*, 2000), permitiu que a *Celera* realizasse o procedimento com o genoma humano em aproximadamente 13 meses (VENTER *et al.*, 2001). Essa tecnologia, aplicada ao sequenciamento de genomas eucarióticos complexos, permitia fragmentar aleatoriamente todos os cromossomos em numerosos fragmentos, seguido de amplificação e sequenciamento de vários destes fragmentos ao mesmo tempo. Com *softwares* computacionais, essa informação era reorganizada, cromossomo por cromossomo, com base no alinhamento e superposição das cadeias sequenciadas.

Iniciava-se assim uma rivalidade que alavancou o consórcio público. Movidos pelo receio de um possível loteamento do genoma humano pela *Celera*, o PGH tomou por objetivo terminar seu trabalho antes da audaciosa empresa. Pena (2010) descreve o maquinário empreendido nesta etapa do projeto:

*“Estima-se que o projeto público tenha usado 600 sequenciadores de DNA espalhados em laboratórios de vários países. Por outro lado, a Celera utilizou cerca de 300 sequenciadores, todos sob o mesmo teto.”* (PENA, 2010)

A corrida entre os dois grupos terminou com a apresentação em rede mundial do rascunho do projeto, na cerimônia do ano 2000 na Casa Branca. “Os diretores dos dois grupos rivais, Francis Collins e J. Craig Venter declararam uma *vitória conjunta - e anunciaram uma trégua implícita - em suas corridas para decifrar o livro da vida*” (PORCIONATTO, 2007).

Apenas em 15 de fevereiro de 2001, os dados deste rascunho poderiam ser contemplados pela comunidade científica, através do esperado artigo que ganhava destaque na capa da revista *Nature* desse mês, escrito pelos pesquisadores do PGH. No dia seguinte, 16, era vez de Venter e dos cientistas da *Celera* apresentarem o seu rascunho, ganhando capa da também conceituada revista *Science* (Figura 1). O projeto, por sua vez, só foi concluído em abril de 2003, junto às comemorações dos 50 anos de descrição da estrutura molecular do DNA.



**Figura 1** - Capas dos periódicos *Nature* e *Science*, respectivamente 15 e 16 de fevereiro de 2001 (v.409, n.6822 e v.291, n.5507). A primeira apresentou 39 artigos sobre o genoma, enquanto a segunda apresentou 32 (LEITE, 2006), correspondendo a uma considerável proporção de seus conteúdos ao tema.

O resultado, contradizendo expectativas e decepcionando a alguns, reduziu os estimados 100 mil a por volta de 26 a 40 mil genes (bem menos da metade do esperado). O tabaco, o lírio, a salamandra e outros têm genomas muito maiores do que o nosso. Há mesmo uma prosaica ameba (*Amoeba proteus*) que tem um genoma com 690 bilhões de pares de base, mais de 200 vezes o humano (PENA, 2006). Junto desta informação, sepultou-se o tradicional conceito “Um gene → uma proteína”, consistente há mais de meio século, desde os estudos dos ganhadores do prêmio Nobel (1958) George Beadle e Edward Tatum.

O produto final do projeto consistiu no sequenciamento de um genoma-referência composto por genomas de diferentes povos. Eram amostras de doadores anônimos, oriundos de diferentes grupos étnicos. Em 2007, foi descrita a primeira sequência genômica completa diplóide de um único indivíduo. Essa foi conhecida como HuRef e o genoma, no caso, era o do próprio Craig Venter (PENA, 2010).

Com uma conclusão sem grandes resultados palpáveis ao público leigo (o Mal de Parkinson e Alzheimer ainda se encontravam sem cura), a comoção pública deu lugar ao esquecimento. As perspectivas pós-genômicas encontravam-se no surgimento de outras áreas de pesquisa, outros *omas*, onde o *genoma* se apresentava apenas como uma informação inicial. Estas, por sua vez, em constante transformação e *demasiado complicadas*, permanecerem limitadas à comunidade científica, enquanto a população mundial aos poucos esquecia as esperanças do genoma. A comunidade científica se voltou às pesquisas clássicas para a cura de doenças, ou à solução da problemática ambiental, que ganhou grande destaque nesta década, junto do apelo das mídias ao Protocolo de Kyoto.

Dez anos após a divulgação do rascunho do projeto, é difícil para um leigo identificar algum benefício imediato trazido pelo sequenciamento do genoma humano (PRONIN, 2010). Em entrevista à Folha (2010), o atual diretor do NHGRI, Eric Green, reconheceu que analisar dados levantados e relacionar determinados genes a determinadas doenças se mostrava algo difícil de fazer.

*“Muitos de nós pensamos que rapidamente entenderíamos como o genoma se relacionava com as doenças, e que muito rapidamente isso mudaria toda a medicina (...) Agora percebemos que há muito mais passos no caminho e que eles vão exigir muito trabalho. O que nós fizemos de maneira ingênua foi talvez prometer que avanços médicos viriam rápido.”* (GREEN em MIOTO, 2010)

Esta década também trouxe avanço à tecnologia, permitindo realizar de forma rápida e eficiente o trabalho que outrora demandava anos e custava de milhões a bilhões de dólares. Nas palavras de Venter (2010), *“hoje (...) graças a essa inovação é possível sequenciar um genoma humano em um dia, em uma única máquina, por apenas alguns milhares de dólares”* (VENTER, 2010). Os sequenciadores de DNA de segunda geração são 50 mil vezes mais rápidos que os do ano 2000. As atuais plataformas de sequenciamento de algumas empresas americanas permitem a leitura de mais de 30 milhões de pares de bases de DNA em um único dia (PENA, 2010). Tecnologias como o pirosequenciamento, baseada na detecção de pirofostafó liberado durante a síntese de DNA, são capazes de sequenciar 100 milhões de pares de bases em 7 horas, contra 440 mil no tradicional método de Sanger (MARDIS, 2008; SOUZA e BRUSAMARELLO, 2009).

O sequenciamento do genoma do *Homo sapiens* também desencadeou uma série de publicações em genômica dos mais diversos organismos biológicos. O número de genomas sequenciados para espécies não-humanas cresceu para mais de três mil e oitocentas (VENTER, 2010). Espécies zoológicas, botânicas, de microorganismos, são vários os grupos de seres que hoje tem seu mapa genético transcrito em bancos de dados. Atualmente, até o *Homo neanderthalensis*, o extinto grupo-irmão de nossa espécie, teve seu genoma sequenciado pela equipe do geneticista sueco Svante Pääbo, do Instituto Max Planck de Genética Evolutiva em Leipzig, Alemanha, cujo rascunho foi publicado na revista *Science* em maio de 2010 (GREEN *et al.*, 2010). O Projeto Genoma Humano foi uma inspiração para o surgimento de novos campos nas Ciências Biológicas, formados em uma era pós-genômica.

A experiência do PGH nos mostrou que apenas esta compilação de dados genéticos pouco nos responde às várias questões que indagamos. Descrever o genoma do homem, do

chimpanzé ou do camundongo não permitiu muito além de uma comparação de similaridades entre estes grupos. Inferências reduzidas apenas ao genoma dos indivíduos/espécies, geraram resultados imprecisos ou controversos. Um exemplo é a análise genômica comparativa entre humanos e chimpanzés, publicada na PNAS em 2003. Neste trabalho foi ignorado todo o registro antropológico e arqueológico referente à evolução humana, ao se propor uma classificação sistemática do chimpanzé (*Pan troglodites*) como grupo irmão de nossa espécie (WILDMAN *et al.*, 2003). Os autores sugeriram a inclusão do chimpanzé ao gênero *Homo* devido apenas a similaridade genômica, algo questionável por ignorar caracteres morfológicos. Tal proposição obrigaria a junção de todos os grupos fósseis homínídeos, *Australopithecus*, *Paranthropus* e *Pithecanthropus*, em nosso gênero, gerando um confuso “saco de gatos” taxonômico que provavelmente configuraria um retrocesso à Antropologia e Biologia Evolutiva Humana.

A Biologia, inclusive a genética, valida seus estudos em dados fenotípicos. Quando se investiga um gene para buscar propensão a uma doença, busca-se o efeito fenotípico deste gene. Quando se compara genomas de espécies para buscar inferências evolutivas de um grupo, espera-se que as divergências entre os grupos estudados se apresentem em seu corpo ou célula (fenótipo). Wenzel e Noll (2006) resumem essa perspectiva em um parágrafo:

*“Qualquer estudo evolutivo, ou qualquer filogenia, não tem valor sem referência a caracteres fenotípicos. O fenótipo é o que queremos explicar, e a única coisa de valor para os morfologistas, ecologistas, behavioristas, e outros biólogos incluindo geneticistas que estudam a regulação dos genes (ou seja, fenótipo), ou RNA (ou seja, fenótipo), ou muitos outros campos considerados mais precisos que a morfologia. A única razão pela qual queremos saber a respeito dos genes de uma mosca é porque estamos interessados pela biologia das moscas. Sabemos o que elas fazem, e isso torna seus genes interessantes. Não há sentido estudar o DNA sem referência a um fenótipo.”* (WENZEL e NOLL, 2006)

Outro famoso exemplo são as mutações nos genes BRCA 1 e BRCA 2, as quais predis põem ao câncer. No entanto a mutação no gene não é garantia de que seu portador manifestará a doença, uma vez que nem todos que apresentem alterações nestes genes manifestam a patologia. A informação genética tem pouco valor informativo quando apenas considera a informação das moléculas do DNA cromossômico. Análises que reduzem sua abrangência apenas ao genoma se mostram demasiado imprecisas em sua predição reducionista.

O Projeto Genoma Humano trouxe grandes frustrações às perspectivas hiperbólicas defendidas na década de 90. O sequenciamento trouxe resultados importantes, mas ainda há

muito que fazer. Estudar os mecanismos de regulação e a parte funcional do genoma, assim como a expressão gênica trazem significado a esta informação. Conhecer os fatores externos, ambientais, que influenciam os organismos, desde fisiologia até o metabolismo do genoma também é parte essencial deste objetivo. Deve-se olhar o DNA em todas as perspectivas, todos os fatores em sua volta, os que ele atua ou é influenciado. Seguindo este rumo, a ciência pode se dirigir a respostas cada vez mais completas e elucidativas sobre os mecanismos celulares e biológicos.

## 2. RAÍZES DE UM DETERMINISMO BIOLÓGICO

A práxis científica requer clareza no desenvolvimento de projetos e produção de conhecimento científico. O universo em sua lente é apreendido através da observação de uma regularidade perceptível em meio a aleatoriedade presente nos fenômenos naturais. À luz da razão, por meio de uma descrição objetiva e tolhida de intervenção dos sentimentos e das emoções, vícios da subjetividade, o saber é construído através de rígidos experimentos metódicos, onde formas e padrões objetivos perceptíveis são quantificados, registrados através de parâmetros consensuais, minimizando as possibilidades de erro em sua interpretação pela comunidade científica. Logo, o ponto de partida de uma ciência seria identificar as variáveis responsáveis pela ocorrência e pelas características de seu fenômeno de interesse. Buscam-se determinantes de nosso objeto de estudo, seja ele qual for. Portanto, o traço “determinista” (em algum nível) seria inerente à tarefa do cientista (CARVALHO NETO e MENEZES, 2007).

Esta concepção de prática científica, por si, apresenta clara herança do pensamento moderno em ciência, concebida em meados dos séculos XVII e XVIII, sob o pano de fundo do Iluminismo. Sua práxis foi amplamente difundida pelo século XIX, “Século da Ciência”, acompanhando as tendências propagadas pelo racionalismo e empirismo, trazendo à sociedade uma revolução tecnológica, que repercutiu não apenas no conhecimento científico humano, mas na cultura geral e principalmente no modo de vida dos cidadãos. O conhecimento acadêmico (e científico) seguiu em crescimento exponencial, forçando o surgimento de diversas áreas de estudo para abarcar nossa compreensão do homem e do meio. O tradicional método científico analisa objetivamente o mundo, sem margem a erros, através do *delineamento geométrico* da natureza e seus fenômenos, a quantificação e matematização de seus processos, fruto de uma bem sucedida forma de apreensão do conhecimento, que o filósofo Gaston Bachelard denominou como o *espírito científico* (BACHELARD, 1938). Durante esses quatro séculos, várias “respostas definitivas”, “verdades”, leis, foram trazidas ao conhecimento humano através de metódicos estudos regidos por sentidos treinados e a utilização da razão ou indução.

Porém, um desses paradigmas, o cartesiano, dito capaz de tornar qualquer processo da natureza inteligível à luz da razão, possui em seu objetivo a raiz de uma crise. Sua filosofia e lente crítica, ponto de partida para a revolução que resultou no espaço que a ciência tem hoje na sociedade e sua influência em questões políticas e geopolíticas, se mostrou claramente ineficaz no decorrer de questões mais amplas e complexas que se desenvolviam ao fim do

século XIX e início do século XX. A redução de um objeto de estudo complexo (fenômeno, estrutura, processo), em diferentes tomos, a fim de se estudar suas partes mais simples permitiu conhecer os tipos celulares que compõem nosso sistema nervoso, os mecanismos de ação intracelular e a química envolvida nas sinapses nervosas, porém o funcionamento do cérebro ainda reserva muitas questões. Este modelo mecanicista apenas sofreu algum questionamento quando outras teorias se fizeram necessárias para dar conta da explicação, em especial nos campos da física e da química, de determinados fenômenos. Tais são os casos, por exemplo, do eletromagnetismo, para o que foram importantes as contribuições de Faraday e Maxwell, ou das teorias quântica de Planck, a relativística de Einstein ou da Evolução de Darwin (BARROS, 2002). A era de *um novo espírito científico* iniciou-se no momento em que Albert Einstein deformou os conceitos primordiais que eram tidos e fixados para sempre através da Teoria da Relatividade (BACHELARD, 1938). Formavam-se as bases do prelúdio de mais uma revolução científica, cuja tensão crítica se expressaria no decorrer do desenvolvimento científico no século XX.

Fritjof Capra, físico teórico austríaco, discute a fragilidade do modelo de Descartes frente o caminhar da ciência contemporânea. Em “O Ponto de Mutação” (CAPRA, 1982), apresenta o iminente rompimento de diversos modelos em ciência (em seus vários campos, como a biologia, ciências sociais e economia) com sua raiz mecanicista, como vem ocorrendo com a física desde Planck e Einstein. No cenário contemporâneo, o paradigma cartesiano traz mais obscuridade que a clareza e distinção que caracterizavam seus instrumentos e filosofia. É questão de tempo ser substituído por um novo paradigma. Assim como a mecânica de Newton não se aplica no universo quântico, muitas das questões que emergem no século XX (contemporaneidade da obra de Capra), e no decorrer deste novo milênio, não serão elucidadas enquanto a visão cartesiana e seus instrumentos se fizerem presente nas interpretações e práxis científicas.

Porém, apontar a fraqueza do cartesianismo não invalida o conhecimento produzido em seu contexto. “*A nova concepção de universo que emergiu da física moderna não significa que a física newtoniana esteja errada ou que a teoria quântica ou a teoria da relatividade estejam certas*” (CAPRA, 1982). O cientista deve tomar consciência que trabalha com aproximações da verdadeira natureza da realidade. Hoje, o modelo newtoniano ainda é uma boa abordagem à física das forças em escala terrestre. As respostas alcançadas nos séculos XVIII e XIX contemplavam as questões apresentadas, sendo estas uma importante contribuição e base essencial para o desenvolvimento científico posterior, e até o dos dias de hoje. Como o autor aponta, há a necessidade de se buscar as limitações da lente cartesiana

para o conhecimento científico. No campo da física, Capra apresenta os limites do modelo cartesiano no conhecimento atual:

*“O paradigma mecanicista teve de ser abandonado no nível do muito pequeno (na física atômica e subatômica) e no nível do muito grande (na astrofísica e na cosmologia).”*  
(CAPRA, 1982).

O autor apresenta que, em outros campos da ciência, as limitações podem ser de diferentes espécies, não necessariamente ligadas às dimensões dos fenômenos a serem descritos. Identificar os limites é necessário às outras ciências, exigindo aos agentes destas (os cientistas) saírem de sua zona de conforto, a prática científica, e refletir sobre sua prática. Porém, no contexto atual, para muitos é prioritário *fazer ciência* a refletir sobre *o que é essa ciência produzida*. A estes já satisfaz o conhecimento da metodologia do manual ou artigo, quando rende resultados que se encaixam em algoritmos lógicos de análise. Caso haja incompatibilidade, busca-se outra metodologia.

Segundo Japiassú, ciência é uma ferramenta lógica de explicação racional e objetiva dos fenômenos da natureza, que estabelece relações universais à realidade observada, possibilitando previsão de resultados nos procedimentos estudados, geralmente sob controle laboratorial. Seu limite está no sensível, físico e experimentável, incompatível com a subjetividade de uma discussão metafísica, que por sua vez é diretamente relacionada com a filosofia desde a tradição clássica até o pensamento moderno (JAPIASSÚ e MARCONDES, 2001). Porém, a separação de ciência e filosofia em nossa época é tamanha, sendo poucos os cientistas que se atrevem a realizar essa conexão. Um desses, o físico e historiador da ciência Thomas Kuhn, denuncia a negligência dos cientistas em criticar os modelos adotados em sua prática. Em sua concepção, o lado filósofo do homem de ciência emerge apenas em situação de crise (KUHN, 1970):

*“Só quando eles precisam escolher entre duas teorias concorrentes é que os cientistas se comportam como filósofos.”* (KUHN, 1970).

Kuhn é conhecido por propor o avanço científico através de revoluções (LIMA, 2006). Para ele, a evolução científica está diretamente ligada ao jogo de relações sociais no meio científico (JAPIASSÚ e MARCONDES, 2001). Seu livro mais famoso, “A Estrutura das Revoluções Científicas” (1962), descreve um modelo do avanço do conhecimento científico no decorrer da história através de revoluções. Postula o termo paradigma como unidade de

estudo a descrever o desenvolvimento científico observado. A mudança de paradigma marca uma transformação total no modelo de desenvolvimento científico, uma revolução, onde o novo paradigma se distingue completamente do anterior, caracterizando a evolução científica através de saltos. Sua estrutura é sintetizada didaticamente por alguns autores e pelo próprio Kuhn em três estágios: *Ciência Normal*, *Tensão* e *Ciência Extraordinária* (KUHN, 2000; LIMA, 2006).

Para Tomas Kuhn, a preocupação dos cientistas é com a defesa do paradigma que segue. Em seu modelo, no estágio de *Ciência Normal*, a ciência avança gerando teorias sustentadas por um paradigma vigente. Um exemplo notório é o modelo mecanicista cartesiano, que foi aperfeiçoado por Newton como mecanicismo cartesiano-newtoniano, que por sua vez deu origem a Teoria da Gravitação Universal, as Leis da Física, e seus conceitos de força e gravidade (LIMA, 2006). Esses sustentaram a mecânica newtoniana, que embasou diversas teorias físicas e se sedimentou até o fim do século XIX e início do XX, quando começou a falhar em estudos subatômicos, assim como em física espacial. Assim se configura o estágio de *Tensão*, onde o paradigma vigente não sustenta descobertas e investigações realizadas, gerando grande estresse aos cientistas que trabalham nessas, ao tentarem conectar seus resultados com as teorias vigentes. Eis que essa tensão não se sustenta e se rompe, surgindo a etapa de *Ciência Extraordinária*, que nesse caso é ilustrada pelas bases da Física Moderna de Einstein, que permitiram uma revolução na nossa visão de universo, matéria e energia, possibilitando o avanço de estudos como a mecânica quântica de Max Planck. Porém, esta visão sofreu certa resistência dos adeptos do modelo clássico, uma vez que sua aceitação nos novos campos de estudo que surgiam significava abandonar o modelo secular de Newton, a tradição em que foram escolados, em troca de um totalmente novo, ainda a ser aperfeiçoado e endossado. Hoje, vivemos o estágio de *Ciência Normal* da Física Moderna, que possivelmente será suplantado no futuro. Porém apenas a física apresenta esse dinamismo científico? As outras áreas do conhecimento humano se mantêm estáveis e cristalizadas na conjectura do conhecimento científico?

Com uma visão holística, a obra de Capra sugere que uma mudança radical irá ocorrer em nossa visão da realidade, modificando nosso pensamento, percepção de mundo e valores. Uma mudança de paradigma aos moldes de uma fase de *Ciência Extraordinária*, apresentada por Kuhn em “*A Estrutura das Revoluções Científicas*” (1962), é necessária ao progresso do conhecimento científico em meio a um período de crise decorrente do acúmulo de questões incapazes de serem solucionadas pelo paradigma vigente (MENDONÇA e VIDEIRA, 2002).

Estas crises iniciam-se em uma área mais geral, como a física, e depois suscitam nas outras. Foi assim no rompimento de Descartes com o paradigma aristotélico, trazendo o encadeamento racional e o rigor matemático, *mathesis universalis*, à visão da natureza (JAPIASSÚ, 2004), onde um paradigma consistente e duradouro surgiu primeiro na física, com Isaac Newton. Em seguida, outras áreas ganharam modelos que caracterizaram seu perfil, como a estrutura atômica na química, o uniformitarismo na geologia e a teoria da evolução na biologia.

Desvencilhar-se da doutrina de Descartes se mostra um desafio, uma vez que toda nossa concepção atual de Ciência, em algum nível, se deve às suas obras. A revolução que semeou se mostrou crucial em meio a crise em que o raciocínio científico se encontrava, fruto da persistência de uma visão aristotélica de matéria e natureza e, resultou, junto do modelo de Newton, em um ímpeto precursor do iluminismo, de influências supracitadas neste texto. Sua simplicidade e aplicabilidade mostraram-se características primorosas para o surgimento de uma nova ciência, de caráter eficiente e infalível.

*“O apelo do cogito procurava questões que iniciassem uma jornada lógica a verdades incontestáveis, conduzidas pelo ponto de vista do individual, rejeitando as declarações realizadas pela escolástica aristotélica” (LECAS, 2006).*

Flanqueado pelas perturbações políticas e sociais de uma França desestabilizada do início do século XVII, onde o agitado reinado de Luís XVI iniciava um período de profundas incertezas intelectuais, René Descartes (1596-1650) trilhou sua brilhante carreira intelectual, objetivando o conhecimento da Verdade. Sob o pano de fundo de uma nova física proposta por Galileu (1564-1642), Descartes se caracterizou como um homem de ciência e crente sincero. Tentava mostrar que não havia incompatibilidade entre as verdades da ciência e as da fé cristã. Assim edificava as bases novas de sua filosofia. Mesmo assim, suas obras foram listadas no *Index* da Igreja, em 1662, ainda que não apresentassem tanto perigo e subversão como as de Galileu (JAPIASSÚ, 2004).

Através de Galileu e Descartes, a linguagem da natureza é apresentada ao mundo através da matemática, onde os caracteres que regem o mundo e o universo são os triângulos, círculos e outras figuras geométricas (TONIETTI, 1999). A simples visão de mundo que o segundo trouxe, através de seu método, permitiu a realização de análises através da *mathesis universalis*, caracterizando a perspectiva geométrica e quantitativa que a ciência assumiria nos próximos séculos. Por essa lente, descreveu-se a ação das forças naturais sobre os corpos,

identificando-se as formas e a topografia dos órgãos e estruturas para uma classificação dos organismos vivos, modelou-se o crescimento demográfico caracterizando recursos e população como parâmetros (variáveis) matemáticos crescendo em diferentes progressões, apresentando limites à sustentabilidade destas populações.

O resultado de sua obra também se manifestou na área da saúde. Descartes permitiu ao homem separar o divino do físico, sendo o último, assim como nos animais, em sua unidade corporal um exemplo da engenhosidade de Deus na criação de entidades mecânicas de sobrevivência. O modelo mecanicista via no indivíduo um autômato que reage a estímulos. Era o caso facilmente observável nos animais. Esta ideia é ilustrada na situação caricata que Nicholas Malebranche (1638-1725), notório seguidor da doutrina cartesiana, se colocou, ao validar este postulado chutando um cachorro na barriga, atribuindo seus berros de protesto a uma reação mecânica (LECAS, 2006). O próprio mecanismo reflexo observado no homem, segundo Descartes, seria resultado de sua *fisis* mecânica, agindo em seu comportamento onde não houvesse intervenção da razão (CUNHA, 1983). Visto o vivo como mecanismo, e entidade passível de ser estudada, e ter sua composição delineada, estando a matriz física do homem dentro deste círculo, se mostrava promissor investir no conhecimento que pudesse trazer o bem-estar à morada da razão.

Até então, onde a medicina ainda atentava a uma interação corpo-alma em suas metodologias terapêuticas, a influência do pensamento cartesiano trouxe uma cisão da composição humana em substância racional (mente) com a material (corpo). O bom funcionamento do corpo, como de uma *máquina*, dependia do estado de suas *partes*. O modelo biomédico se alimentava dessa divisão, e seu rigor levou aos médicos a se concentrarem no funcionamento do corpo, negligenciando os aspectos psicológicos, sociais e ambientais da doença (CAPRA, 1982). A medicina científica moderna cresceu no decorrer das descobertas científicas, assimilando conhecimentos aprofundados da anatomia e fisiologia do corpo. Esses possibilitaram uma ação cada vez mais localizada ao *mal funcionamento* da *máquina* corporal. Porém, a concentração de esforços nesta forma de se trabalhar *doença* e *cura* dificultou cada vez mais aos médicos lidarem com a patologia através de uma visão interdependente de mente e corpo (CAPRA, 1982).

Áreas de uma ascendente Biologia regozijavam em descobertas que assentavam seu *status* entre a física e a química. A *teoria celular* permitiu uma das mais poderosas generalizações desta ciência, ao propor que todas as plantas e animais eram compostos por células. A *teoria microbiana da doença* trazia finalmente uma resposta clara e distinta à causa das doenças, efeito da ação dos organismos do mundo microscópico apresentado por Pasteur.

Enquanto a teoria mais convincente que viria a explicar a origem das espécies era desenvolvida, também era semeado o germe de uma das áreas que no futuro se tornaria genética, de acordo com as observações de Mendel em seus experimentos com hibridação de ervilhas, que renasceria nos trabalhos de Correns, von Tschermak e de Vries.

A genética, área da biologia que se propunha estudar os padrões de hereditariedade, foi ganhando destaque no decorrer do século XX. Mesmo antes de se descobrir a estrutura celular que continha a informação que permitiria isolar e estudar a unidade de herança de caracteres, se desenvolvia uma área do saber que explicava de forma convincente, através de modelos matemáticos objetivos e linguagem científica, a transmissão de caracteres em uma linhagem. Com a denominação de *genes* para as unidades de informação hereditária através da proposta de Wilhelm Johannsen, a genética ganhara seu modelo animal mais popular, a mosca da fruta, *Drosophila melanogaster*, com Thomas Hunt Morgan (1866-1945), que introduziu a Teoria Cromossômica da Hereditariedade (ESTEVEZ *et al.*, 2004), reunindo as proposições de unidade molecular para hereditariedade de Walter Sutton e experimentos mais consistentes às Leis de Mendel.

O desenvolvimento suntuoso da Genética influenciou também a visão científica da sociedade. Enquanto a Antropologia podia explicar as potencialidades do homem apenas em nível populacional ou racial, surgia a possibilidade de ter esta resposta no nível de indivíduo. Sendo os genes as unidades que regem a unidade de informação para a constituição humana, o resultado desse conhecimento é o conhecimento do organismo, do Homem. Essa era a ideia difundida por biólogos e geneticistas, cujo conhecimento foi precursor de uma nova área da biologia, a biologia molecular.

A lógica do reducionismo biológico foi bem recebida pela população. Simples, era facilmente interpretada, uma vez que o senso comum até então (e ainda hoje) considerava a hipótese de características de comportamento e habilidades serem herdáveis. Richard Dawkins, biólogo e renomado divulgador de ciência, foi além dessa “ditadura genética”, trazendo aos genes características de entidades autônomas, onde o organismo é um mero palco para suas ações, um meio para sobreviver e passar suas informações adiante (CARVALHO NETO *et al.*, 2003).

Porém pode-se considerar que todas as características de um organismo são pré-determinadas pela sua informação genética? Por que gêmeos idênticos (que nascem com um genoma quase idêntico) podem ter características físicas e de personalidade distintas?

É consenso que a genética, associada a fatores do meio, influenciam a constituição e saúde do indivíduo. Quando analisamos a fundo um episódio patológico em um indivíduo,

difícilmente encontramos uma causa isolada, mas sim a soma de vários fatores, hábitos de vida, contexto geográfico e social, herança genética, sorte, dentre outros mais discretos ou não parametrizáveis. Um histórico familiar marcado por problemas cardíacos não condena a uma pessoa a esse destino, se esta tem bons hábitos de alimentação e higiene, aliados a prática de exercícios físicos. O estilo de vida provavelmente é o fator de maior influência na diferença de qualidade de vida entre um cidadão médio de Nova Iorque, Estados Unidos, e um cidadão de Okinawa, Japão. Da mesma forma, fatores sociais são responsáveis por muitos casos de anencefalia fetal, decorrente de uma dieta pobre em ácido fólico por parte da mãe, que pode levar à má-formação do tubo neural (PEREIRA e SANTOS, 2007).

Mas o determinismo não considera apenas patologias. A busca de um gene *gay* (HAMER e COPELAND *apud* CARVALHO NETO e MENEZES, 2007) atrai a atenção dessa parcela da população, na esperança de argumentos biológicos que acabem com a discriminação e mitiguem o preconceito histórico. A mídia por sua vez, na sede de notícia, escancara o resultado dessas pesquisas de forma distorcida ou totalmente equivocada, como uma pesquisa sobre feromônios na espécie humana (LINDSTRÖM *et al. apud* CARVALHO NETO e MENEZES, 2007). Isso contribui para endossar com uma falsa credibilidade científica a crença popular de que quaisquer características, até comportamento ou orientação sexual, são transmitidas em sangue, de pais para filhos. Seriam hereditários o temperamento e inteligência, assim como a cor da pele é herdada.

Persistir em um entendimento da biologia humana ou orgânica sob a lente do mecanicismo cartesiano, mediante ao contínuo desenvolvimento da ciência da gênese (a genética) e das descobertas da biologia molecular, induz claramente a conceber o indivíduo vivo à sua unidade química informacional, seu genoma. Essa redução leva a uma interpretação determinista desta unidade molecular, como o fator responsável (*determinante*) de todas as características que o indivíduo virá a desenvolver em sua vida, seja aparência física, expectativa de vida, até temperamento, potenciais físicos e mentais, dentre outras. Nesse raciocínio, o genoma é a causa que rege a ontologia do indivíduo, informações a moldar sua ontogenia, cujo efeito é sua existência, determinada por sua *essência*, materialmente seu DNA.

Esse raciocínio trouxe grande frustração àqueles que, sob uma esperança reducionista, esperavam dos resultados do Projeto Genoma Humano, conhecimento suficiente para identificar e tratar diversas doenças. O início da era pós-genômica foi marcado por uma certeza cada vez maior de que um tratamento eficaz a essas patologias dependerá de vários outros estudos. A genômica viria a trazer o primeiro *oma*, o genoma, o qual hoje depende de

outros, derivados da proteômica, metabolômica, transcriptômica ou outras *ômicas* que possam surgir para que tenhamos uma visão mais holística dos fenômenos moleculares (PIMENTA, 2003). Curiosamente, um dos principais deturpadores do verdadeiro potencial em curto prazo do sequenciamento completo do genoma, J. Craig Venter, também foi autor de um dos mais esclarecedores discursos acerca dos problemas de interpretação equivocada dos resultados desse empreendimento (LEITE, 2006):

*“Há duas falácias a evitar: determinismo, a ideia de que todas as características da pessoa são “impressas” pelo genoma; e reducionismo, a visão de que o conhecimento completo da sequência do genoma humano, seja apenas uma questão de tempo para que nossa compreensão das funções e interações dos genes venha a oferecer uma descrição causal completa da variabilidade humana. O verdadeiro desafio da biologia humana, para além da tarefa de descobrir como os genes orquestram a construção e a manutenção do miraculoso mecanismo de nossos corpos, estará à frente, na medida em que buscarmos explicar como nossas mentes puderam organizar pensamentos bem o bastante para investigar nossa própria existência.” (VENTER, apud LEITE, 2006).*

A metáfora do corpo como um mecanismo autômato é amplamente difundida na cultura popular, constantemente usada por professores e difusores de ciências. A informação genética como um plano-mestre, o *blueprint* molecular, um projeto do indivíduo acabado se mostra uma resposta simples e científica à questão da ontogenia, permitindo isolar a característica clara e objetiva para se caracterizar um ser. Goldbach e El-Hani (2008), apresentam o uso de metáforas e a relação causal *genoma* → *indivíduo* como uma tendência dos seres humanos de buscar *a essência* dos tipos biológicos, a *causa* de sua *forma*. O desenvolvimento ontogênico, no caso o embrionário, delinearía essa informação, moldando e delimitando corpo e espírito, de acordo com a sua essência, seu material genético.

No contexto filosófico, a questão de considerar o indivíduo como um ser já constituído e fechado é fortemente criticada por Gilbert Simondon (2003). Esse filósofo discute essa problemática por uma perspectiva peculiar, considerando o ser como inacabado em constante transformação. Toda a existência de um indivíduo, desde sua ontogenia até sua morte, seria um contínuo processo de *individuação*. Em sua perspectiva, buscar uma predeterminação deste, seria considerar o indivíduo como resultado causal, efeito da causa de sua constituição pré-natal. Em uma interpretação biológica, seria como considerar toda a existência de uma pessoa pré-definida após sua concepção e nascimento, resultado de vícios interpretativos de base atomista e substancialista:

“Procurar o princípio de individuação em uma realidade que precede a própria individuação é considerar a individuação unicamente como ontogênese.” (SIMONDON, 2003)

A contínua *individuação* de Simondon alenta a ideia de que o indivíduo é o momento, que interpretações mecanicistas não explicam a realidade de um indivíduo de maneira completa. E esse processo, inerente ao ser vivo, o classifica como um ser complexo que sistemicamente pode ser visto sob três referenciais:

“O indivíduo vivo é sistema de individuação, sistema individuante e sistema *individuando-se*.” (SIMONDON, 2003)

Este filósofo considera essa concepção ao ser como um todo. Biologicamente, podemos relacionar isso ao considerar que uma pessoa, assim que nasce é diferente de si mesma a 1, 10, 30, 50 anos, tanto em desenvolvimento cognitivo, mentalidade e personalidade. Até seu material nucléico se diferencia, uma vez que a cada ano que passa, as populações celulares de seu corpo adquirem mutações que as tornam em certo grau distintas genomicamente de outras populações celulares de seu corpo. Logo, as taxas de igualdade entre o genoma de populações epiteliais, hepáticas, neurônios e células germinativas diminuem com o envelhecimento, de acordo com a interação a agentes mutagênicos. Considerar um ser como *individuado* é aceitar uma perspectiva determinista, ignorar a história de vida em detrimento de um ser acabado, imutável até o fim de sua existência. É reforçar a concepção de que o currículo de um indivíduo é resultado de seus potenciais inatos, reduzindo-o este e sua ontologia a um produto final de sua base ontogênica.

### 3. MÍDIA, DIVULGAÇÃO CIENTÍFICA E O GENOMA

Na primeira quinzena de fevereiro de 2001, manchetes de jornais no Brasil e no mundo centraram foco no resultado de anos de intensa pesquisa e rivalidade entre um consórcio científico público internacional e uma empresa privada. Neste dia, o produto do sequenciamento do genoma da espécie humana ganhava destaque na mídia impressa e eletrônica. Em meio a uma expectativa equivocada em relação aos potenciais desta pesquisa, a população não entendia ao certo como os cientistas chegaram a esse resultado, nem o potencial imediato dessa informação. A única mensagem clara por parte da comunidade científica, que mais surpreendeu quem atua em algum nível com genética, era que o número de genes que possuímos, entre 30 a 50 mil, era bem menor que os mais de 100 mil antes previstos.

Ao contrário do que frequentemente ocorre em economia e política, pesquisas científicas raramente rendem uma manchete de jornal. Quando isso ocorre, é sinal evidente de que as coisas no mundo já não são as mesmas de antes (CAPOZOLI, 2004). Assim como o conceito de gene mais uma vez caminhava para uma reformulação, o mundo se rendia à expectativa da iminente descoberta e cura de diversas patologias, hereditárias ou não. Era o impacto de uma *Big Science*, rara nas Ciências Biológicas, uma investigação científica de grandes proporções em todos os sentidos, seja em equipe, tecnologia e prosseguimento.

Os jornais exploraram ao máximo a discussão que seus resultados poderiam gerar. Títulos como “Racismo não tem base genética” viriam a acompanhar a falsa ideia de que o Projeto Genoma Humano (PGH) trazia a base científica para derrubar o determinismo genético e os preconceitos decorrentes deste vício.

Massarani e Moreira (2003) denunciaram o determinismo presente nos jornais *O Estado de São Paulo*, *Folha de São Paulo*, *O Globo*, *Extra*, *Jornal do Brasil* e *O Dia*, entre junho de 2000 a maio de 2001. Analisando-se 751 artigos jornalísticos, sobre assuntos relacionados a genética, foram apontados pelo menos 178 (23,7%) artigos essencialmente deterministas. Quase um terço das matérias discutiam a possibilidade de associação de genes a doenças e características comportamentais. Nesse intervalo foi relatada a identificação de genes relacionados a vários tipos de câncer, dependência do fumo e de drogas, alcoolismo, morte súbita, envelhecimento, longevidade, agressividade, aptidão a música, gosto por doce e a obesidade (MASSARANI e MOREIRA, 2008). A genética foi um tema rico nesse ano e os resultados do PGH seriam o clímax, trazendo à realidade o que por uma década a população

esperava do sequenciamento completo do genoma. Mas o que era destaque no PGH? O que ele trazia de novo?

Em seu texto de crítica ao jornalismo científico nacional, o então presidente da Associação Brasileira de Jornalismo Científico (ABJC), Ulisses Capozoli, apontou resultados de um “analfabetismo científico”, refletidos na “lambança” demonstrada no relato de resultados do PGH, onde a ignorância perante o fato que divulgavam dificilmente se interpretaria sem equívocos. Um exemplo é o tolo ufanismo no Correio Brasiliense (CB), “show de pesquisa verde e amarela”, como se os resultados nacionais tivessem contribuído direta e substancialmente com o projeto (CAPOZOLI, 2004), apesar da representação brasileira na Human Genome Organization (HuGO), vinculada ao PGH. É fato que a linguagem científica possui um código de difícil acesso ao público leigo, cuja alfabetização científica é incipiente, principalmente em nosso país. Assuntos são tratados com um caráter quase mítico, onde, por exemplo, evolução biológica é vista como uma melhoria (“*upgrade*”) de um padrão, às vezes dependente do ambiente, assim como as questões de hereditariedade são frequentemente atribuídas à mistura de sangue no ato de concepção, e a prole pode herdar quaisquer características de seus progenitores, sejam aparência, habilidades ou personalidade.

Os jornais possuem por objetivo a divulgação de notícias ao grande público. Através de uma linguagem acessível à maior parcela dos estratos sociais, frequentemente um fato científico se apresenta deturpado por fatores como demasiada simplificação ou apresentação parcial, devido a pouca afinidade do profissional redator, o jornalista comum, com incipiente experiência em temas científicos. Capozoli apresenta papel mais nobre à imprensa, onde mais que traduzir uma pesquisa científica para a população, deve estimular o jornalismo interpretativo, a contextualização histórica dos acontecimentos (OLIVIER, 2002). Na 54ª Reunião Anual da SBPC, 2002, ele apresentou a problemática existente no jornalismo científico como resultado do “analfabetismo científico” presente nas redações e universidades, decorrente de pouca discussão acerca do tema nos cursos de comunicação, além da quase inexistência de suplementos ciência, aliados a uma ininteligível gama de informações em linguajar técnico (OLIVIER, 2002).

*“O estudante [de jornalismo] tem que colocar em prática um certo autodidatismo. Ele deve ler, procurar se informar, ficar a par de todas as novidades do mundo da ciência”.*  
(CAPOZOLI, em OLIVIER, 2002)

Com esse perfil, Capozoli define o pré-requisito para o comunicador social que queira redigir reportagens sobre ciências. Assim como as áreas de economia ou política atraem profissionais da comunicação para se especializarem na divulgação de notícias dessas competências, há os jornalistas científicos, que direcionam seus conhecimentos e pós-graduações em mídia e ciência. Profissionais como André Trigueiro e Marcelo Leite redigem matérias que apresentam assuntos de cunho científico com pouca abertura a erros. Entretanto a baixa afinidade do público leigo com assuntos científicos, decorrente do distanciamento com a ciência desde a Educação Básica, se mostra um fator limitante de interpretação desta qualidade de informação. Ciência é assunto para *as mentes privilegiadas, os cientistas, que possuem linguagem própria, e capacitados a lidar com assuntos complexos.*(AFONSO, 2008)

As novidades tecnológicas e descobertas científicas cada vez mais se aproximam do cotidiano da população em geral, e suas consequências são de importância direta para o cidadão e a sociedade. Assim como a alfabetização ortográfica e gramatical se tornou indispensável para o exercício pleno da cidadania no século XX, em tempos de *vida artificial, recriação do Big-Bang*, desastres ambientais em escala local e consequência global, a alfabetização científica e tecnológica é de suma importância para o cidadão do terceiro milênio.

Para Carl Sagan é realmente necessária uma alfabetização científica em tempos contemporâneos. Sua ausência se mostra um risco em meio às transformações atuais em nosso mundo e sociedade. Sua deficiência abre lacunas a serem preenchidas com ideias equivocadas. A pouca expressão da divulgação científica permite que pseudociências ocupem seu nicho ecológico, e roubem a atenção do cidadão comum com seu apelo (SAGAN, 1996). A dinâmica do conhecimento científico atual, no desenvolvimento tecnológico, e na interpretação dos problemas ambientais emergentes, marca crescente importância da ciência no quadro político-econômico das nações no cenário mundial:

*“As consequências do analfabetismo científico são muito mais perigosas em nossa época que em qualquer outro período anterior. É perigoso e temerário que o cidadão médio continue a ignorar o aquecimento global, por exemplo, ou a diminuição da camada de ozônio, a poluição do ar, o lixo tóxico e radioativo, a chuva ácida, a erosão da camada superior do solo, o desflorestamento tropical, o crescimento exponencial da população. Os empregos e os salários dependem da ciência e tecnologia. Se a nossa nação não puder fabricar, com alta qualidade e a preços baixos, os produtos que as pessoas querem comprar, as indústrias continuarão a se deslocar e a transferir um pouco mais de prosperidade para as outras partes do mundo.”* (SAGAN, 1996).

Paulo Freire compartilha a concepção de *alfabetização* como ferramenta essencial para a interpretação consciente de mundo:

*“A alfabetização é mais que o simples domínio psicológico e mecânico de técnicas de escrever e de ler. É o domínio destas técnicas em termos conscientes. (...) Implica numa autoformação de que possa resultar uma postura interferente do homem sobre seu contexto.”*  
(FREIRE *apud* SASSERON e CARVALHO, 2008)

Defensor de uma pedagogia crítico-progressista, Freire defende o importante papel da educação na conscientização e emancipação dos sujeitos envolvidos em processos de educação formal (GALIETA, 2008). Libâneo (1983) o aponta como um dos principais defensores da chamada Pedagogia Libertadora, que denunciava a inércia da educação conteudista tradicional, *educação bancária*, como um dos principais obstáculos à construção do indivíduo crítico e atuante na sociedade (FREIRE, 1996). Sob essa ótica, a filosofia freiriana (relativa a Paulo Freire) se aproxima das concepções de alfabetização científica e seu papel para a formação cidadã.

Attico Chassot defende a alfabetização científica como diretamente ligada à área da educação. Ela permite ao indivíduo ler a linguagem da natureza. Chassot (2003) caracteriza o analfabeto científico como aquele incapaz de uma leitura do universo. O analfabetismo científico torna indivíduos propensos a acreditar facilmente em fatos pseudocientíficos, potencialmente prejudiciais a si próprios e à sociedade (MUELLER, 2002). Sendo a leitura de mundo um dos objetivos principais da educação, é responsabilidade do educador de ciências possibilitar a seus educandos também a construção desta lente.

Porém o letramento nesta linguagem pouco acompanhou a evolução do conhecimento científico. Enquanto os príons consolidam mais de 30 anos de elucidação como proteínas infectantes, ainda hoje são mistério a muitos professores de biologia. Após uma década da divulgação dos resultados PGH, ainda persiste o conceito quinquentenário derivado de Beadle e Tatum: *“um gene → uma proteína”*, ainda que questionado nos livros didáticos recentes. O crescente número de cursos de formação continuada é baixo perante a série de novidades e termos científicos que ganham nosso cotidiano em produtos e tecnologia e na mídia. Nanotecnologia, antimatéria e engenharia genética, estão presentes em nosso cotidiano há décadas, desde exames médicos ao alimento que ingerimos ou roupa que vestimos. Para os docentes, a compreensão dessas novidades deve ser contínua, assim como os pesquisadores e cientistas o fazem ao acompanhar periódicos científicos, para não se encaixar no papel de *educador analfabeto*.

Auler e Delizoicov (2001) criticam a diversidade de significados de alfabetização científica. Para eles, esta abarca um espectro bastante amplo de significados, traduzidos através de expressões como a popularização da ciência, divulgação científica, entendimento público da ciência e democratização da ciência. Apontam a importância de combater ideias pouco consistentes em ciência e tecnologia, conseqüentes de uma concepção de ciência neutra. Estas geram *mitos*, interpretações tendenciosas, que resultam em construções equivocadas da imagem de ciência e do desenvolvimento da pesquisa científica. Os autores classificam esses mitos em três tipos:

- ◆ *Superioridade do Modelo de Decisões Tecnocráticas*, onde quaisquer decisões provindas de uma resposta científica são superiores ou inquestionáveis;
- ◆ *Perspectiva Salvacionista da Ciência e Tecnologia*, onde a Ciência trará a solução para os problemas existentes em algum momento, no presente ou no futuro, conduzindo a humanidade ao bem-estar social;
- ◆ *Determinismo Tecnológico*, onde a mudança/desenvolvimento tecnológico é o principal fator de mudança social, traçando limites e moldando o desenvolvimento das sociedades.

Esses *mitos* são propagados em quaisquer forma de difusão científicas populares, sejam as aulas de bioenergética no ensino médio, a reportagem da identificação de um gene relacionado a enxaqueca ou um artigo de divulgação sobre perspectivas éticas relacionadas à informação genômica. No século passado, a Escola de Frankfurt acusou a mídia de banalizar a arte e a cultura, ao massificá-la, deturpando-as e empobrecendo seu conteúdo. O resultado era uma falsa cultura, moldada pelos interesses da *indústria cultural* ou cultura de massa, capitalista, que entretinha o cidadão médio, com o objetivo de torná-lo dependente desta, e alienando-o dos problemas sociais ao seu redor (HOLHFELDT *et al.*, 2001). Para estes, esta falsa cultura era apenas um vulto da arte e culturas originais, cuja essência era a ludibriação. Uma lógica similar se observa na propagação dos *mitos* na divulgação científica, onde o conhecimento científico frequentemente é emulado em um artefato tendencioso. Este veiculado pelos meios de comunicação, satisfaz as necessidades do divulgador de promover seu nome e o de seu jornal/revista como eficientes noticiadores/divulgadores de novidades científicas, *vendendo* essas notícias em um texto empolgante e *informativo*.

Porém, a divulgação científica possui papel importante no processo de construção do conhecimento científico e na alfabetização. Ao trazer em discussão notícias e conhecimentos do cotidiano da pesquisa científica em linguagem acessível ao cidadão comum. Possibilita sua formação o aumento da qualificação geral científico-tecnológica da sociedade (MOREIRA, 2006). Entretanto, o termo se mostra confuso, diante da multiplicidade de materiais de informação que podem ser classificados em seu escopo. Henrique Silva (2006) discute esse quadro caótico. Revela a dificuldade de se definir divulgação científica, considerando que basta ter conteúdo científico e destinar-se a um público, que já se configura divulgação científica. Nessa lógica encaixam-se como exemplos as clássicas matérias de revista como a *Ciência Hoje* (CH) e *Superinteressante*, o sumário para políticos do *International Panel of Climate Change* (IPCC), o filme *Gattaca*, ou a peça teatral *Casca de Noz* (SILVA, 2006). Albagli (1996), porém, é mais categórica. Para a autora, divulgação científica é sinônimo de popularização da ciência, que define como “*o uso de processos e recursos técnicos para a comunicação da informação científica e tecnológica ao público em geral*” (BUENO apud ALBAGLI, 1996), distinguindo-o do amplo *Difusão Científica* e do restrito *Comunicação Científica*, .

Independente dos conceitos discutidos pelos diferentes autores, todos apresentam a divulgação científica como um meio de comunicação de fatos e conhecimentos científicos. Seja o emissor o cientista ou o jornalista, sua principal função é a conscientização do estado da arte no campo da pesquisa, assim como as descobertas, traduzidas em uma linguagem acessível ao grande público (ALBAGLI, 1996; ALVETTI, 1999; HERNANDO, 2005; SILVA, 2006; TARGINO; 2007). Alguns distinguem o jornalismo científico como incluso neste conceito, onde os emissores (redações e editores) e o público se encontram através de mídias de comunicação (jornais/revistas/rádio/TV/cinema) e a informação científica e tecnológica circula atualizada (ALBAGLI, 1996). Nessa concepção, encaixam-se as revistas *Scientific American*, *National Geographic* e *Ciência Hoje*, que por sua vez tem pesquisadores dentre seus redatores.

O desenvolvimento científico configura um fato social, e o avanço e transformação da ciência e tecnologia vem provocando mudanças de repercussões nos campos econômico, cultural e ético, permeando as decisões de caráter político (ALVETTI, 1999). Logo, a alfabetização em ciência se faz necessária para a conquista do que Paulo Freire chama de autonomia, *saberes necessários para a prática cidadã*. Para a formação do indivíduo crítico e atuante, a divulgação científica vem se entrelaçar a essa alfabetização e contribuindo como informação contínua à formação permanente do indivíduo. Este indivíduo por sua vez *sabido*,

pode filtrar essa informação da tendenciosidade de seus autores e contexto de redação, possibilitando bases sólidas na sua contínua construção como ser inacabado, condição inerente a qualquer humano ou ser vivo, alimentada pela interação com todos os elementos do ambiente em sua volta (FREIRE, 1996). Estamos inseridos em um sistema capitalista, onde a ciência também satisfaz o mercado, e linhas de pesquisas são priorizadas de acordo com o interesse político/econômico/social de governos e empresas:

*“A forma e o grau de intensidade de participação da população no processo de desenvolvimento e de transformações que vêm ocorrendo na sociedade, assim como a possibilidade de usufruir e de se apropriar dos resultados e avanços da ciência e tecnologia, depende, em grande parte, do grau de informação e compreensão que o Estado, os pesquisadores, a classe política, professores, profissionais da comunicação, trabalhadores em geral, e demais segmentos da sociedade tenham sobre o processo científico e tecnológico.” (PETRUCCI apud ALVETTI, 1999)*

Um artigo de divulgação de programas de governo já expressava a importância da divulgação científica para a cidadania em 2006. De Brasília, Ildeu Moreira (2006) já apontava que o caminho atual para a inclusão social passava pela popularização da ciência e tecnologia:

*“O significado social e cultural da ciência como atividade humana, socialmente condicionada e possuidora de uma história e tradições, fica às vezes camuflado nas representações escolares e em muitas atividades de divulgação, particularmente na mídia. Falar de inclusão social no domínio da difusão ampla dos conhecimentos científicos e tecnológicos e de suas aplicações compreende, portanto, atingir não só as populações pobres, as dezenas de milhões de brasileiros em tal situação, mas também outras parcelas da população que se encontram excluídas no que se refere a um conhecimento científico e tecnológico básico. A razão principal para o presente quadro reside na ausência de uma educação científica abrangente e de qualidade no ensino fundamental e médio do país.” (MOREIRA, 2006)*

Aloísio Mercadante, em seu discurso de posse como ministro brasileiro de Ciência e Tecnologia, reforça essa ideia ao discutir que tão importante para a população quanto os artistas e nomes do esporte, os cientistas também o são e devem ganhar o gosto dos jovens. Ele afirmou que nos Estados Unidos, figuras como Michael Jordan detém a admiração dos adolescentes, mas na Coreia do Sul, Stephen Hawking é o mais admirado, denotando a clara participação da ciência nos assuntos e interesses dos indivíduos deste país (MERCADANTE, 2011). Semana de Tecnologia, Olimpíadas de Matemática e Ciências, Portais de Ciência e

Tecnologia, dentre as políticas de disseminação ou difusão científica são um passo para trazer à juventude do país significado à ciência.

A divulgação científica como popularização de informação científica, se dá não apenas na interlocução cientista (ou jornalista) e o não-cientista, como também cientista-cientista, quando se pensa em áreas que não sejam de sua atuação profissional (SILVA, 2006). Diferentemente da população leiga, que não domina conceitos técnico-científicos, espera-se que o professor de ciências detenha esse saber, uma vez que compete a ele orientar a construção do conhecimento científico dos alunos. Este também é cientista, mas com a especialidade de ensinar na educação básica, logo, é tão “mais ou menos leigo” quanto qualquer cientista em assuntos que não sejam de sua especialidade (SILVA, 2006), sendo matérias de divulgação importantes contribuições para sua atualização. Quando se pensa no contexto escolar, a participação da divulgação científica ganha uma nova dimensão, e compete ao professor a erudição na linguagem da ciência, possibilitando cumprir seu papel social sem trazer prejuízos a seus alunos e à sociedade. Em tese, sua leitura deve ser isenta de equívocos, possibilitando trazer à sala de aula assuntos atuais em ciência, em uma discussão construtiva e relevante. O professor deve ser capaz de identificar fontes idôneas e realizar uma leitura confiável.

A revista *Ciência Hoje* (CH) pode ser considerada um meio de comunicação direta do público leigo com o ambiente acadêmico e de pesquisa. Essa afirmativa se vale do fato dela consistir em um material de divulgação científica de confiabilidade tutelada por uma entidade constituída e administrada por acadêmicos, a Sociedade Brasileira para o Progresso da Ciência (SBPC), sendo bem aceita também pelos professores da educação básica. Grande parte de seus artigos são escritos por importantes pesquisadores das principais universidades e centros de pesquisa do país.

A *Ciência Hoje* nasceu de uma ideia proposta por Roberto Lent em 1978, para uma revista nacional de divulgação científica, porém o projeto só avançou em 1980, após a formação de uma comissão para a criação da revista. Sua primeira edição data de 1982, após a estruturação da revista, através de financiamento do CNPq, Finep e da própria SBPC. A revista teve como editores fundadores Roberto Lent, Alberto Passos Guimarães Filho, Darcy Fontoura de Almeida e Ennio Candotti, com um conselho editorial composto com grandes nomes de vários estados (GUIMARÃES FILHO, 1992; ALVETTI, 1999).

O sucesso imediato se refletiu em mais de quatro mil assinantes ainda no ano de 1982. Desde lá, “a família *Ciência Hoje*” cresceu, ganhando o *Jornal da Ciência Hoje*, o encarte infantil (futura revista) *Ciência Hoje para Crianças* e o suplemento *Technologia*, além de

vários números especiais, como *Amazônia, Nordeste, Eco - Brasil etc* (ALVETTI, 1999). A esse rol, após a popularização da internet, juntou-se também o portal da Ciência Hoje (<http://cienciahoje.uol.br>), com colunistas fixos e grande diversidade temática, tanto para crianças, como para professores e pessoas comuns, com matérias inéditas e alguns artigos das versões impressas, estes últimos com parte do material em livre acesso e outros com restrição a assinantes.

Desde 1982 até então, são quase 30 anos de publicações quase ininterruptas, onde por diversas vezes a revista sofreu mudanças estruturais e de *layout*, assim como o perfil de redação de suas matérias/artigos. A regularidade de sua publicação alterou-se, de bimestral para mensal, de acordo com a situação econômica da SBPC e do país. O exemplo mais marcante ocorreu durante a recessão econômica no período do governo Collor, que por pouco não extinguiu a revista. Esta perdeu grande número de assinantes e recursos financeiros, obrigando-se a se submeter a uma queda de qualidade gráfica sob a estampa “*Ciência Hoje Ameaçada de Extinção*”, marcada na capa da edição janeiro/fevereiro de 1991 e outros números posteriores. Porém, a revista resistiu à crise, ganhando grande qualidade principalmente nos últimos anos. Atualmente, a revista é mensal, com 11 volumes anuais, sendo apenas bimestral a edição de janeiro/fevereiro.

A obrigação da CH com um jornalismo e divulgação científica de qualidade, confiável e imparcial, se mostra evidente perante a chancela da SBPC ao periódico. Tanto seus redatores efetivos, quanto convidados, possuem esse compromisso com a mensagem que trazem ao público. Cada matéria coloca em jogo a confiança da população na autoridade da academia, sendo seus autores não apenas opinadores, mas formadores de opinião. A marca da SBPC traz a responsabilidade de um rigor acadêmico com a comunicação ao público, principalmente o leigo, possibilitando a popularização da ciência em nosso país.

#### 4. OBJETIVOS

O objetivo principal deste trabalho foi acompanhar e analisar a divulgação da proposta e desenvolvimento do projeto de sequenciamento completo do genoma humano, assim como o impacto direto à genética e biologia molecular, sob a perspectiva de um periódico de divulgação científica voltado ao público leigo e respeitado pela comunidade científica, a revista Ciência Hoje (CH). Uma vez que este empreendimento transformou pressupostos e conceitos no campo da genética, levantando também questões éticas quanto às novas tecnologias genômicas e contribuição em potencial para as ciências biomédicas, principalmente, aplicação à medicina preventiva, também se buscou a contribuição da CH na apresentação dessas transformações para a sociedade brasileira. Logo esse objetivo se estendeu na identificação de informações que trouxessem interpretação tendenciosa, *mitos* (AULER e DELIZOICOV, 2001), às visões e perspectivas hiperbólicas e reducionistas difundidas pela população e propagadas pelo claro *analfabetismo científico* existente nessas, pelas mídias jornalísticas e de comunicação em massa.

Tendo esse pressuposto em mente, para cumprir o principal objetivo supracitado, no recorte temporal em que se desenvolveu o empreendimento de sequenciamento do genoma e consequências da finalização deste, utilizando a revista Ciência Hoje, buscou-se:

- ◆ Verificar e contabilizar a frequência desta *Big Science* como tema principal das notícias e artigos em um intervalo que compreende sua ideia original até quase uma década das principais publicações científicas deste empreendimento (dezembro de 1984 a dezembro de 2010);
- ◆ Investigar a possível existência de artigos ou matérias que apresentem argumentação claramente determinista, ou hiperbólica, acerca dos fatos, perspectivas e reflexões relativas ao sequenciamento completo do genoma humano realizado pelo consórcio internacional Projeto Genoma Humano (PGH) e pela *Celera Genomics*;
- ◆ Observar e identificar as transformações conceituais e o impacto dos resultados dessa grande pesquisa internacional a hipóteses que por décadas se mantinham fortes no campo da genética (como a possibilidade de pelo menos 100 mil genes no genoma humano);

- ◆ Identificar o aparecimento das novas ramificações da Biologia Molecular derivadas do mapeamento genômico, os “omas”;
- ◆ Caracterizar o início da Era Pós-Genômica, a divulgação dos resultados dos empreendimentos, até a diluição da temática em meio ao cotidiano de fatos, artigos e descobertas científicas posteriores, possibilitando observar o que se manteve em meio aos frutos e frustrações do que se esperava do PGH.

## 5. METODOLOGIA

Para caracterizar o retrato do Projeto Genoma Humano (PGH) divulgado pela comunidade científica foram selecionados todos os artigos que tivessem o sequenciamento do genoma e sua tecnologia como tema, ou investigações pós-genômicas, como a proteômica. Foi delimitado para a sondagem um período que compreende de dezembro de 1984 a dezembro de 2010, intervalo de tempo que inclui:

- ◆ A motivação de um sequenciamento completo do genoma do *Homo sapiens* capitaneada pelo Departamento de Energia dos Estados Unidos (DOE);
- ◆ A fundação do Instituto Nacional de Pesquisas do Genoma Humano (NHGRI) e suas alianças internacionais (a exemplo da fundação da HuGO, *Human Genome Organization*), assumindo a tarefa proposta pelo DOE, início e desenvolvimento de um PGH;
- ◆ Rivalidade entre o consórcio público internacional e a empresa privada *Celera Genomics*;
- ◆ Publicação do rascunho, finalização do sequenciamento e divulgação das consequências deste projeto.

Estes artigos foram obtidos em revistas consultadas de coleções pertencentes a bibliotecas públicas da UERJ, UFRJ, UNIRIO, Museu Nacional e MAST. A necessidade de se visitar várias bibliotecas deveu-se à situação de suas coleções, geralmente incompletas, exigindo numerosas buscas para evitar lacunas na série temporal analisada.

A metodologia de identificação dos artigos diferiu no decorrer dos anos investigados. Em virtude à estrutura apresentada pela CH no decorrer de sua década inicial, com índices pouco informativos, que explicitavam apenas os artigos de maior destaque, porém restringindo-se a somente o título das outras seções e suas páginas correspondentes, mas não suas matérias componentes, a busca ocorreu através de investigação página a página, de cada exemplar da revista, desde o de novembro/dezembro de 1984 (nº15, vol.3), até o de março de 1989 (vol.9, nº51). A partir do exemplar de abril do mesmo ano (nº52, vol.9), a mudança de *layout* da revista resultou em um índice prático, que possibilitou uma nova metodologia de busca, através dos índices, permitindo maior velocidade e eficiência na identificação de artigos passíveis de análise para o objetivo deste trabalho. Esta consistiu em analisar título por

título, buscando qualquer artigo passível de apresentar menção ao sequenciamento total do genoma.

Esta metodologia de identificação de artigos decorreu sem alterações até a edição de setembro de 1994 (nº103, vol. 18), quando no índice, a seção *Ciência em dia* passou a ser apresentada apenas indicando sua localização na revista, ocultando as matérias nesta presentes. A eventual presença de matérias sobre o PGH nesta seção motivou uma nova alteração na metodologia de identificação, que consistiu em uma mudança apenas na sondagem das matérias desta, que ocorreu como as anteriores ao nº 52 (março de 1989), página a página. Porém, após a edição de abril de 1996, uma nova reestruturação no índice permitiu retornar à metodologia de sondagem dependente apenas dos índices da revista, de maior rapidez e eficiência, descrita no parágrafo anterior. As alterações posteriores no *layout* da revista não ofereceram dificuldade para se fixar esta metodologia, que foi empregada até a edição de dezembro de 2010 (nº 277, vol.47), última investigada.

Os artigos selecionados foram fotocopiados e posteriormente analisados, para se obter a mensagem principal de cada um, e permitir sua caracterização, em uma ficha pré-estabelecida, adaptada da utilizada por Alveti (1999), em sua tese de doutorado (ambas em anexo). Esta etapa teve a finalidade de se catalogar cada artigo analisado e sumariá-lo. Possibilitava-se assim realizar uma seleção fina dos artigos que se encaixavam no escopo desta investigação, analisar a apresentação do PGH e a divulgação de fatos e reflexões sobre o tema, redigidas por colunistas da Revista Ciência Hoje ou pesquisadores convidados, com atenção a quaisquer tendências deterministas que seus argumentos possam apresentar. Isso também permitiu suprimir alguns artigos da seleção anterior, delimitando a sondagem à abordagem da temática do PGH e genômica no decorrer da série temporal de 1984 a 2010.

## 6. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Com a missão de trazer ciência em linguagem acessível, possibilitando uma maior aproximação entre o público leigo e o desenvolvimento científico, a revista Ciência Hoje (CH) caracteriza um notório parâmetro de material hemerográfico de divulgação científica em nosso país. Segundo o Estatuto Social do Instituto Ciência Hoje, responsável pela publicação do periódico, seu objetivo é divulgar ciência, contribuindo para o desenvolvimento educacional, científico e tecnológico, sem pleitear fins lucrativos. O primeiro capítulo do estatuto deixa claro o comprometimento com a propagação de conhecimento científico, a educação e a informação, características de seu associado fundador e organização notoriamente compromissada com a difusão de ciência em nosso país, a Sociedade Brasileira para o Progresso da Ciência (SBPC) (INSTITUTO CIÊNCIA HOJE, 2007).

Sua aceitação como material de qualidade no assunto divulgação científica é grande, confiável aos *alfabetizadores científicos* e professores de ciências. Como exemplificada na tese de doutoramento de Tânia Goldbach (2006), em uma amostragem de 54 professores de atuação em nível médio e formação de professores, a Revista Ciência Hoje foi indicada como a mais qualificada, dentre outras revistas como a Galileu (editora Globo), Superinteressante (editora Abril), Ciência Hoje para as Crianças (editada pela SBPC), dentre outras. Em outro estudo com professores que atuam em nível fundamental e médio, Goldbach *et al.* (2007) evidenciaram a importância de revistas de divulgação científica na contribuição para o preparo de suas aulas, sendo a CH a mais utilizada e de linguagem mais acessível.

A CH veio evoluindo no decorrer dos últimos 25 anos até 2010. Considerando o Projeto Genoma Humano (PGH), o pioneirismo do periódico possibilitou ao presente trabalho investigar todo o espaço temporal que compreendeu o empreendimento, desde sua intenção, estimulada principalmente pelo DOE, a fundação do consórcio internacional para o sequenciamento, a sua rivalidade com a *Celera Genomics*, a publicação do primeiro rascunho do genoma nas revistas Nature e Science, e a conclusão do sequenciamento, por volta de 2005-2006 (HUMAN GENOME PROGRAM, 2011). O amplo recorte temporal trabalhado nesta investigação permitiu observar sua participação na divulgação do desafio de sequenciamento do genoma, onde as mudanças não apenas se caracterizaram no discurso dos autores dos artigos, como também na estética do periódico, assim como na sua configuração estrutural.

Esta sondagem também possibilitou observar o esforço da equipe da CH em tornar atraentes a aparência e a linguagem da revista. Essa evolução possivelmente inspirou a

chegada de outros periódicos “concorrentes”, que se popularizaram em meados da década de 90, como a Superinteressante, Globo Ciência/Galileu e a *Scientific American* do Brasil.

*“Há 25 anos, a Ciência Hoje era a única revista de divulgação científica do país e eram poucos os colunistas, como José Reis, que se dedicavam a popularizar o conhecimento científico. Havia um ou outro programa de rádio e TV e ainda não existiam editorias de ciência especializadas em jornais e revistas.” (IVANISSEVICH, 2009)*

A riqueza de ilustrações, esquemas, charges, e fotografias se mostraram presentes desde a primeira edição pesquisada neste trabalho, de novembro/dezembro de 1984 (nº5, vol. 29). No decorrer dos anos, as cores ganharam, gradativamente, mais espaço na CH. O resultado é uma qualidade estética equivalente ou superior às das outras revistas, principalmente na última década, onde até sua capa ganhou uma novidade, adquirindo uma película de proteção que trouxe mais charme e resistência a sua estrutura física.

Em relação ao PGH, ideia, desenvolvimento e resultados, a CH manteve seu compromisso de noticiar e divulgar o assunto. O empreendimento foi assunto de diferentes artigos, cuja seleção encontra-se listada no item “Análise Quantitativa”, neste capítulo. O termo Projeto Genoma Humano ou o empreendimento em si, assim como o sequenciamento completo do genoma, tiveram presença em artigos de assuntos variados. No decorrer da sondagem, independente da metodologia empregada, a seleção dos artigos foi dificultada pelos criativos, porém pouco objetivos, títulos, que grande parte dos artigos apresenta. Isto resultou em um número elevado de matérias listadas a serem analisadas, onde grande parte foi posteriormente desconsiderada, por tratar de assuntos alheios ao objetivo deste trabalho, ou por ter citação ao PGH apenas como uma ilustração à temática original, com pouca importância à discussão ou fatos nestas apresentadas. O exemplo de maior notoriedade ocorreu na edição de dezembro de 2001 (nº178, vol. 30), em um artigo intitulado “O futuro do genoma”, onde a citação Projeto Genoma limitou-se a um breve texto que traçava o quadro e perspectivas de pesquisa em Biologia Molecular (não necessariamente genômica), no Brasil.

Artigos como “A parte inquieta dos genomas”, de abril de 2002 (nº 181, vol. 31) por sua vez, também entraram nesse rol, exigindo uma alteração na ideia primordial do projeto dessa monografia, principalmente nos objetivos, os quais foram flexibilizados para possibilitar um trabalho exequível e gerar resultados relevantes à discussão. Casos similares aos supracitados foram retirados da seleção, para adequar-se ao objetivo de busca por apenas artigos que objetivamente possuíssem o sequenciamento do genoma como tema principal, seja em caráter de divulgação de algum fato ocorrido, ou explicação ao leitor de potencialidades e

perspectivas dos resultados do projeto. Mas a investigação também atentou ao inverso. A entrevista com John Sulston, concedida a Fred Furtado em setembro de 2004 (nº. 208, vol. 35), por exemplo, tem a temática da Ética como assunto principal, porém com o PGH como pano de fundo, sendo apresentado ativamente nesse artigo como exemplos em seus argumentos. Logo, receando omissões, todos os artigos que citavam genômica, e entrevistas com protagonistas do projeto, como Sulston, foram pré-selecionados, tendo em vista cumprir os objetivos propostos.

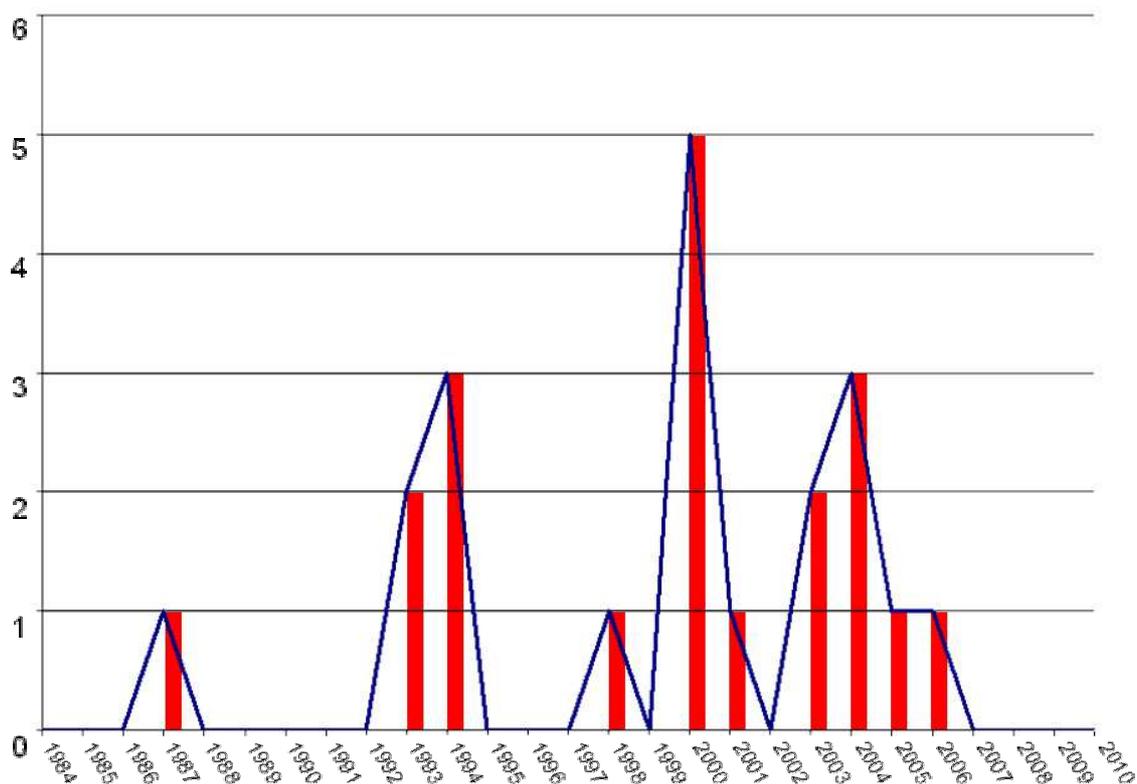
### **6.1. Análise quantitativa**

Dentre os mais de 40 artigos pré-selecionados no recorte temporal mencionado, foram filtrados 20 artigos que atendiam aos objetivos da investigação (tabela 1). Observa-se que não há um padrão na seção em que o assunto sequenciamento completo do genoma, ou o Projeto Genoma Humano foi abordado no decorrer deste período. Ora presente em artigos da *(Um) Mundo de Ciência*, ora da *É Bom Saber*, também foi argumento discutido na seção *Entrevistas*, realizadas com personalidades da Biologia Molecular, e assunto desenvolvido por pesquisadores através da coluna *Opinião*. Nos primeiros cinco anos do século XXI, o PGH ganhou destaque como matéria de capa, além de numerosas páginas na revista em artigos de destaque nas edições do periódico. Foi assunto de frequente divulgação, como a publicação do primeiro rascunho do genoma humano, através das revistas *Science* e *Nature*, e resultados posteriores. Porém após o impacto desta publicação, esse assunto perdeu espaço para outras novidades científicas, apresentadas pela revista, desaparecendo totalmente depois de 2006.

**Tabela 1** – Artigos da revista *Ciência Hoje* identificados como divulgação e debate da proposta do Projeto Genoma Humano, durante o período de novembro/dezembro 1984 a dezembro de 2010.

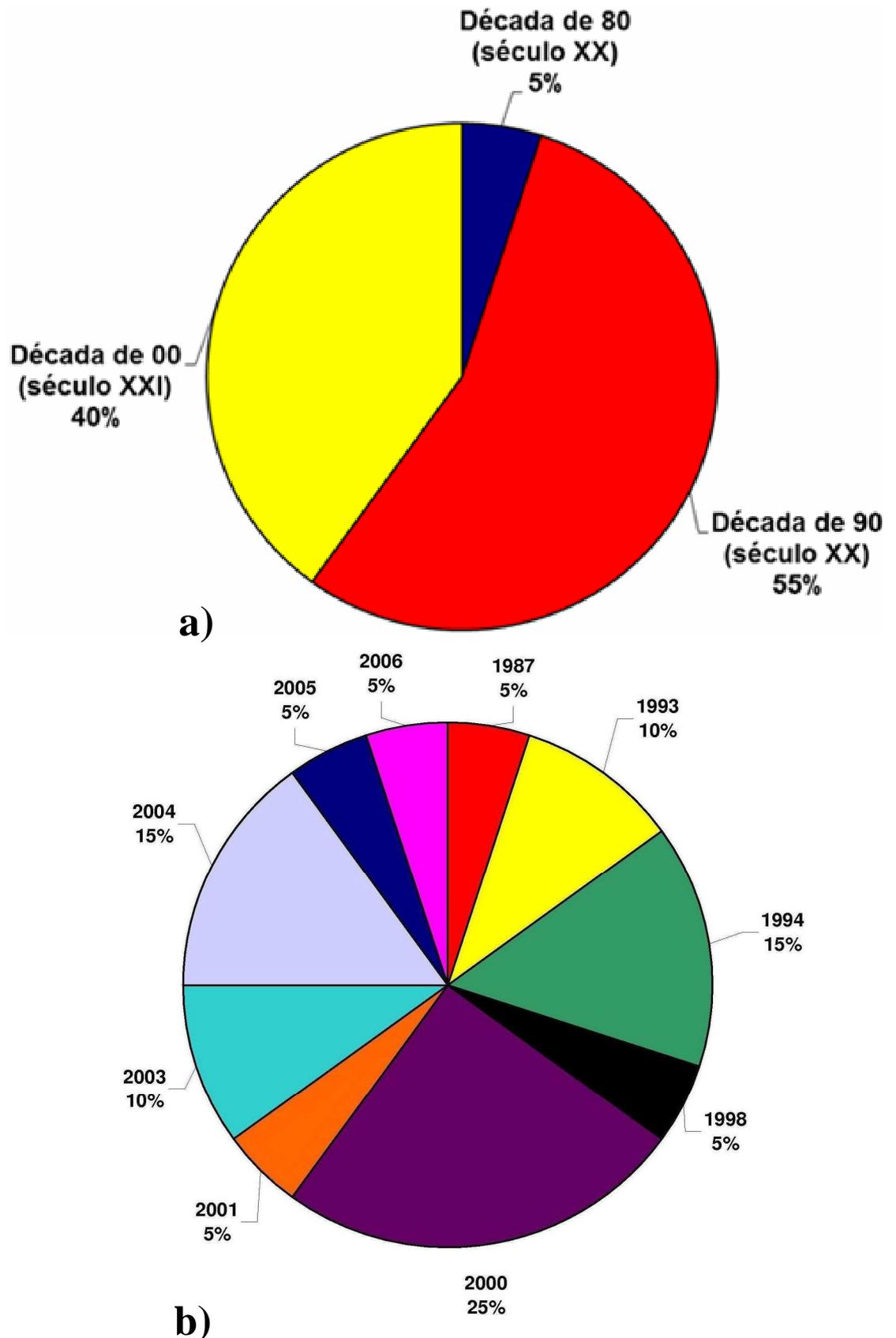
ID	Ano	Mês	Volume	Nº	Páginas	Artigo	Seção	Autor(es)	Instituição
1	1987	mar	5	29	16 a 17	Decifrando os genes humanos	Um Mundo de Ciência	Ricardo Galler	Fiocruz
2	1993	jan/fev	15	87	6 a 7	Cromossomo Y	Um Mundo de Ciência	Carlos Alberto da Silva Almeida, Miguel Angelo Martins Moreira, Sheiva Roitman	INCa
3	1993	mar	15	88	52 a 57	A megaciência dos genes	É Bom Saber	Cassio Leite Vieira Luisa Massarani Marise Muniz	Ciência Hoje
4	1994	abr	17	99	50 a 51	O primeiro mapa do genoma	É Bom Saber	Diversos	Ciência Hoje, Diversos
5	1994	abr	17	99	31 a 35	Como enfrentar os problemas éticos do Projeto Genoma Humano?	Debate	Diversos	Ciência Hoje, Diversos
6	1994	jul	18	101	88 a 90	Combate a doenças tropicais	Ciência em Dia	Luisa Massarani	Ciência Hoje
7	1998	nov	24	144	50 a 51	O passo seguinte do genoma	Opinião	Eloi S. Garcia	Fiocruz
8	2000	mar	27	158	11 a 12	O 22 já foi, só faltam 22	Mundo de Ciência	Frankilin Rumjanek	UFRJ
9	2000	jul	27	162	78 a 81	Proteoma: o desafio tecnológico do século 21	Opinião	José Ernesto Belizário	USP
10	2000	ago	28	163	13 a 14	A importância dos estudos sobre o cromossomo 21	Mundo de Ciência	Mayana Zatz	USP
11	2000	nov	28	166	22 a 27	Genoma decifrado, trabalho dobrado	Matéria de Capa	Vera Rita da Costa	Ciência Hoje
12	2000	nov	28	166	28 a 35	As promessas e os riscos	Matéria de Capa	Vera Rita da Costa	Ciência Hoje
13	2001	jul	29	173	8 a 11	Rumo ao proteoma	Entrevista	Walter Gilbert	Internacional (Harvard University)
14	2003	abr	32	192	16 a 22	Os desafios do Proteoma	" <i>Biologia Molecular</i> "	Adriano Monteiro Castro Pimenta	UFMG
15	2003	jun	33	195	14 a 15	Ser ou não ser <i>Homo</i> ?	Mundo de Ciência	Frankilin Rumjanek	UFRJ
16	2004	mar	34	202	8 a 10	As modas da ciência	Entrevista	André Goffeau	Internacional
17	2004	set	35	208	8 a 11	Ética e Genética	Entrevista	John Sulston	Internacional (Cambridge, UK)
18	2004	out	35	209	54 a 57	Sobre bioinformática, genoma e ciência	Opinião	Francisco Prodosimi,	UFMG
19	2005	mai	36	215	11 a 12	O ponto X do sexo	Mundo de Ciência	Sandro José de Souza	Instituto Ludwig (SP)
20	2006	jul	38	228	36 a 42	DNA Não-Codificador: o lixo que vale ouro	"Biologia"	Paulo de Paiva Rosa Amaral, Helder Imoto	USP

É importante destacar a dedicação de páginas ao assunto. No decorrer da investigação, observamos que a CH reservou pelo menos 84 páginas para o tema do sequenciamento completo do genoma, abordado sob diferentes perspectivas. Tanto a divulgação, quanto questões éticas e reflexões acerca do impacto deste empreendimento na sociedade, foram perspectivas retratadas pelos diferentes autores. Nos mais de 25 anos de investigação, observou-se pouca ocorrência de artigos na década de 80. A década posterior concentrou a maior parte das publicações, principalmente em seu fim, ano 2000, seguido por um declínio gradual nos primeiros anos do novo milênio, década de 00, como mostrado na figura 2.



**Figura 2** – Ocorrência dos artigos identificados como divulgação e debate da proposta do Projeto Genoma Humano, durante o período de novembro /dezembro de 1984 a dezembro de 2010.

Observou-se que a maioria dos artigos selecionados para a investigação realizada nesta monografia, 11 artigos, 55% do total, foi publicada na década de 90, conforme ilustrado na figura 2. Porém, desses, quase metade, 5 ou 25% do total, constitui publicações do ano 2000. Isto demonstra a ansiedade com a iminência da publicação do primeiro rascunho do genoma. Esses foram os principais artigos que reportavam o projeto. Estas ocorrências também são ilustradas na figura 3. Observa-se que a década de 00, onde se desenvolveram os resultados do PGH, deteve 40% dos artigos selecionados (8). Estes artigos estavam concentrados na primeira metade da década, sendo o último de 2006, caracterizando o enfraquecimento deste tema diante dos numerosos artigos em biologia molecular e genética publicados pela CH nessa década.



**Figura 3** – Frequência do aparecimento dos temas sequenciamento completo do genoma e o Projeto Genoma Humano (PGH) como central ou relevante nos artigos da revista Ciência Hoje (CH), durante o período de novembro/dezembro de 1984 a dezembro de 2010: **a)** Frequência de aparecimento dos temas em artigos da CH por década; **b)** Distribuição das frequências dos artigos por ano, a partir de 1987.

## 6.2. Análise qualitativa

Para apresentar a descrição da abordagem do PGH no intervalo temporal de interesse, se optou por apresentar a ficha de avaliação dos artigos selecionados. Esta, confeccionada ainda no período de pré-seleção dos artigos, apresenta dados gerais e a síntese de cada um, destacando as principais características de interesse. No decorrer da sondagem, as fichas funcionaram como *anotações de campo*, sendo um guia geral para cada artigo, possibilitando consultar a interpretação de sua ideia geral sem necessitar releitura minuciosa do artigo.

Para a avaliação dos argumentos tendenciosos acerca do PGH neste trabalho, optou-se por utilizar o termo *vício*. Este se justifica pela sua semântica original, um costume de conduta censurável, que o indivíduo não consegue evitar (BUENO, 2007). Considerando a importância no cenário científico dos autores de vários dos artigos da CH, não se pode afirmar que seu ponto de vista está errado, assim como seu argumento, e sim que a maneira pela qual esse se apresenta pode levar a um equívoco. Este termo não taxa o autor, e sim sua maneira de escrever e apresentar suas ideias, logo, não fere a autarquia destes na sua área de atuação, e sim questiona seu discurso, quando convidados a se comunicar com o público leigo.

### 6.2.1. Década de 80

A participação da CH na divulgação do que viria a ser o PGH iniciou-se a partir dessa década. Seu marco inicial foi em 1987, primeira publicação mensal da revista (antes a revista era bimestral), em um artigo de divulgação redigido pelo então pesquisador da Fiocruz Ricardo Galler (ficha 1), onde o sequenciamento total do nosso genoma foi tema de um importante encontro de biologia molecular ocorrido em Nova Iorque. Neste, discutiu-se pontos importantes, como tutela da pesquisa, viabilidade e questões a se pensar sobre as consequências desse conhecimento à pesquisa científica. Nota-se certa hesitação quanto à importância do projeto devido à previsão de custos do empreendimento. Porém a ameaça de um sequenciamento completo por parte de laboratórios japoneses, pressionava a comunidade científica norte-americana a tomar a iniciativa.

Não eram nada claras as aplicações práticas aos resultados do sequenciamento total do genoma. Porém, a expectativa de uma contribuição à genética médica motivava o Departamento de Energia Americano (DOE) a iniciar essa pesquisa, interessado em informações que elucidassem os mecanismos de atuação do material genético, importantes em

um contexto de estudos com energia nuclear. No entanto era evidente a preocupação de ter esse empreendimento sob a tutela de um órgão pouco relacionado à Biologia.

**Ficha I:**

**FICHA PARA AVALIAÇÃO DOS ARTIGOS DA CIÊNCIA HOJE**

**I – IDENTIFICAÇÃO:**

**Nº:**29      **MÊS/ANO:**mar/1987      **VOL.:**5      **PÁGINA:**16-17

**COLUNA:** Um Mundo de Ciência

**AUTOR:** Ricardo Galler

**TÍTULO DA MATÉRIA:** Decifrando os genes humanos

**ÊNFASE NO PGH:** Ideias iniciais de um futuro PGH.

**II- DESCRIÇÃO DA MATÉRIA:**

Este artigo dedica-se a apresentar as mobilizações até então para o que futuramente seria conhecido como o Projeto Genoma Humano. Divulga um encontro de biologia molecular ocorrido nos Estados Unidos, buscando discutir e avaliar a viabilidade do sequenciamento do genoma de nossa espécie. Apresenta as dimensões colossais desta *Big Science* biológica, assim como problemas em potencial e a relevância de seus resultados.

No decorrer do texto, Galler tenta esclarecer aspectos discutidos na reunião, assim como os principais atores presentes nesse episódio da história do PGH, no caso, o Departamento de Energia norte-americano (DOE). Neste encontro, discutiu-se a criação de um instituto para o genoma humano e as tecnologias para o seu sequenciamento. Galler também cita o apoio do DOE na aquisição de informações genéticas, como sua contribuição ao *Genebank*, um banco de dados altamente oneroso. Também apresenta preocupação em se ter um grande projeto em Ciências Biológicas capitaneado pelo DOE, o que evidencia a necessidade de um instituto próprio para o mesmo.

Este é o primeiro artigo da revista *Ciência Hoje* (CH) a apresentar o projeto, antes mesmo de este existir. É uma prova de que, em temas de Genética Moderna, a CH se mostrou eficiente em apresentar uma notícia de potencial relevância à população leiga. Um fato interessante é uma expressão, possivelmente contemporânea ao artigo e comum dentre alguns cientistas, que Galler utiliza no fim de seu penúltimo parágrafo — “*chavemestra* para os segredos da hereditariedade” — cuja lógica e analogias similares seriam utilizadas no futuro como parte do *merchandising* à importância da informação genômica.

Após esta ocorrência, não houve mais destaque a esse tema em artigos da CH nesta década. Este única publicação, porém, se mostra de grande valor, pois é uma divulgação do PGH antes deste mesmo existir. Indica um cumprimento do compromisso do periódico brasileiro, trazer ao público leigo um acontecimento científico, no momento em que ele

adquire maior importância. É exemplo esta divulgação, um artigo que traça um panorama observado nesse encontro de biologia molecular.

### 6.2.2. Década de 90

Esta foi a década de maior ocorrência de artigos sobre o sequenciamento na revista *Ciência Hoje*. Nesta, o mundo conheceu o Projeto Genoma Humano, e foi contaminado por um otimismo que se mostrou presente nos artigos publicados no início da década, junto também de uma discussão ética, presente na primeira metade desta década. É notória a presença de uma expectativa salvacionista dos resultados do PGH no desenvolvimento de uma terapia gênica eficaz, a surgir com a finalização do sequenciamento. A segunda metade, porém, apresenta uma transformação desta perspectiva. O mapa genômico viria a trazer mais questões e complexidade que elucidatões. O sufixo *oma* perde sua exclusividade ao genoma, aparecendo em outros termos que se fazem conhecer à comunidade científica e leiga, como o proteoma. Também se observa que o genoma torna-se cada vez menos nebuloso, tanto para os pesquisadores convidados a opinar, quanto na sua apresentação nos artigos da revista, que tem no ano 2000 o clímax de atenção ao tema, alimentado pela iminência da publicação do rascunho do genoma.

No início da década de 90, é importante destacar que o cenário político-econômico de nosso país foi caracterizado por uma séria recessão financeira, cujo impacto trouxe sérios problemas ao cidadão brasileiro. A SBPC como sociedade nacional, vulnerável como quaisquer outras instituições brasileiras, encontrava-se em uma provação sem precedentes. O projeto *Ciência Hoje* apresentava déficit financeiro e risco de falência. O clima desesperador se mostrou impresso na queda de qualidade na impressão da edição da CH de janeiro/fevereiro de 1991. Tradicionalmente colorida, e em papel especial, neste mês em questão observa-se uma revista em preto e branco, com qualidades gráfica e de papel reduzidas, tendo a estampa “*Ciência Hoje ameaçada de extinção*” destacada na capa. Segundo os editores da revista, os efeitos da crise, decorrentes desde 1989, resultaram em uma queda de vendas e assinaturas que, junto do agravamento da situação com o plano Collor II, resultaram em insuficiência de fundos, obrigando-os a realizarem um plano de emergência para possibilitar a sobrevivência da revista nesse período. Isso é marcado pela interrupção de um padrão que a CH tinha assumido desde março de 1987, de publicações mensais, que em abril/maio e junho/julho de 1990, já apresentavam um prelúdio da situação que iria se fixar no ano seguinte. Este viria a ser caracterizado por edições bimestrais. Porém a qualidade textual

foi mantida, e a CH continuou a divulgar ciência com seu dinamismo habitual, como observado na edição nº 72, vol. 70, abril/maio de 1991, onde mesmo com esquemas monocromáticos, assuntos como PCR e sua tecnologia foram apresentados à comunidade em uma linguagem informativa e razoavelmente acessível.

Essa condição não permaneceu por um tempo longo. Em 1992 a CH volta a ser colorida, embora continuasse bimestral. Tal assunto aos poucos desapareceu das páginas da revista, porém o padrão de publicação manteve-se irregular até julho de 1997, havendo uma alternância desordenada de edições mensais e bimestrais até então. E em uma edição bimestral de 1993, o mapeamento físico do cromossomo Y trouxe novamente a atenção da CH ao PGH (ficha II). Não se tratava de divulgação do avanço do consórcio internacional então dirigido por James Watson, e sim um estudo realizado por um grupo de pesquisa menor. Uma frase, porém – “*Seu mapeamento será útil ao projeto genoma*” (ALMEIDA *et al.*, 1993) – denunciava uma perspectiva desse fato como um passo do Projeto Genoma.

**Ficha II:****FICHA PARA AVALIAÇÃO DOS ARTIGOS DA CIÊNCIA HOJE****I – IDENTIFICAÇÃO:**

Nº:87                      MÊS/ANO:jan/fev/1993                      VOL.:15                      PÁGINA:6-7

**COLUNA:** Um Mundo de Ciência

**AUTOR(ES):** Carlos Alberto da Silva Almeida, Miguel Angelo Martins Moreira, Sheiva Roitman.

**TÍTULO DA MATÉRIA:** Cromossomo Y

**ÊNFASE NO PGH:** Prosseguimento do PGH.

**II- DESCRIÇÃO DA MATÉRIA:**

Neste artigo os autores apresentam o mapeamento físico do cromossomo Y, cujo resultado foi publicado por Douglas Vollrath na revista *Science* em 1992. Com ilustrações informativas, descrevendo o procedimento empregado no estudo, o artigo da revista *Ciência Hoje* descreve as características deste peculiar cromossomo, e principalmente as dificuldades de mapeá-lo, devido a características deste (não haver homologia, baixa taxa de recombinação, dentre outras). Também apresenta tecnologias utilizadas pela equipe de Vollrath, como as bibliotecas genômicas de YACs, e como eles as utilizaram.

Através deste artigo relativamente simples, mas com alguns elementos que requerem uma releitura para uma melhor compreensão, os autores apresentam um fato atrelado a importantes contribuições para a Biologia Molecular. Além do subtítulo, a utilidade em potencial deste mapeamento ao PGH também é citado ao fim do artigo, como uma contribuição para uma futura localização de todos os genes presentes no menor cromossomo humano, Y, e passo importante para a pesquisa.

Esse artigo enfatiza como o PGH ainda era nebuloso para a CH. O mapeamento realizado e a tecnologia usada eram bastante distintos do que se programava utilizar no PGH. Sua contribuição foi similar a de investigações anteriores em Biologia Molecular. O principal enfoque deste artigo era divulgar resultados de um mapeamento de genoma (do cromossomo Y), cuja estratégia antecede a do projeto. Porém o PGH era um assunto emergente, e a frase de chamada ao Projeto Genoma sugere o quão pouco nosso país conhecia sobre sequenciamento genômico.

No mês seguinte, foi publicado o primeiro artigo dedicado a apresentar o que vem a ser o Projeto Genoma Humano (ficha III). Com 6 páginas, um texto rico em otimismo, apresentando uma redação ambiciosa, este artigo traça um panorama do PGH até o momento. Prevê possíveis avanços médicos que até hoje ainda se mantém intangíveis a luz de anos de um genoma mapeado, como o papel dos fatores genéticos no Mal de Alzheimer,

esquizofrenia, câncer, dentre outras síndromes. No contexto pós-genômico atual, ainda há muito que se investigar sobre essas doenças.

**Ficha III:****FICHA PARA AVALIAÇÃO DOS ARTIGOS DA CIÊNCIA HOJE****I – IDENTIFICAÇÃO:**

Nº:88            MÊS/ANO:mar/1993            VOL.:15            PÁGINA:52-57

**COLUNA:** É Bom Saber

**AUTOR(ES):** Cassio Leite Vieira, Luisa Massarani, Marise Muniz.

**TÍTULO DA MATÉRIA:** A megaciência dos genes

**ÊNFASE NO PGH:** História e situação do PGH até então.

**II- DESCRIÇÃO DA MATÉRIA:**

Este é o primeiro artigo a dedicar um grande número de páginas para apresentar o Projeto Genoma Humano por uma perspectiva detalhada, desde seu histórico, perspectivas e estrutura do projeto. É uma matéria otimista, que mescla: textos empolgados, ornamentados por expressões como “o mais ambicioso programa de pesquisa biológica de todos os tempos”, “mega aventura científica”, e “o código químico necessário para moldar a vida”; com textos razoavelmente didáticos que apresentam noções de genética molecular básica; textos mais objetivos quando apresentam a metodologia (simplificada) empregada no empreendimento e sua utilização e conhecimento existente; uma perspectiva das questões éticas levantadas pelos fatos ocorridos até então, como as tentativas de J. Craig Venter de patentear sequências gênicas, a situação do PGH com a saída de James Watson e a participação do Brasil no PGH.

Apesar dos excessos nas metáforas presentes, este artigo permite ao leitor uma boa contextualização do PGH até o presente momento, mesmo se este fosse totalmente alienado ao projeto. Permite a ele conhecer um histórico detalhado desde a citação, como proposta inicial, em 1985, os atores que participaram das pesquisas como, DOE e NIH, a criação do NHGRI, início do projeto e andamento até então. Possibilita aprender algumas noções de Biologia Molecular para contribuir em seu entendimento sobre o que é o PGH, e ter ideia da abrangência de sua tecnologia, aplicada ao sequenciamento de outros organismos. Situa fatos ocorridos até então, possibilitando uma visão mais crítica aos conflitos éticos e problemas no andamento do Projeto Genoma, e, a participação de seu país neste projeto. Com *boxes* explicativos e denso texto em linguagem acessível, este artigo apresenta bem o panorama do PGH ao leigo interessado, o qual necessita, porém, de certa afinidade com Biologia para sua compreensão.

Neste texto é clara uma expectativa exacerbada e equivocada do potencial do sequenciamento de um genoma. Mostram-se presentes concepções errôneas que permeariam durante grande parte da década, como um genoma composto por cerca de 100 mil genes, cuja elucidação da sequência traria uma revolução à medicina no ano 2000. Estas concepções viriam a ser definitivamente derrubadas com a publicação do rascunho do genoma, em 2001. Porém, é notória também a presença de informações mais concisas. O PGH já tinha uma

história em andamento, um corpo de trabalho formado e metodologia elaborada. Na época em que esse artigo foi publicado, o mundo estava conhecendo melhor o que viria a ser um genoma e o desafio de mapeá-lo.

O ano seguinte foi marcado por artigos peculiares. Em uma mesma revista, abril de 1994 (nº99, vol.17), foram publicadas discussões éticas acerca do PGH (ficha IV), o qual já se tornara mais popular na mídia e na própria CH, e uma reportagem sobre a publicação do primeiro mapa do genoma (ficha V). O primeiro foi um debate promovido pela CH, com opiniões de pesquisadores brasileiros convidados a opinar, acerca de questões éticas relativas ao PGH. Este é o primeiro artigo a se dedicar totalmente a um enfoque bioético, porém o que se observa é uma perspectiva onírica sobre a contribuição da informação completa do genoma humano à ciência biomédica e a sociedade.

**Ficha IV:****FICHA PARA AVALIAÇÃO DOS ARTIGOS DA CIÊNCIA HOJE****I – IDENTIFICAÇÃO:**

Nº:99            MÊS/ANO:abr/1994      VOL.:17            PÁGINA:31-35

**COLUNA:** Debate

**AUTOR:** Ciência Hoje e Pesquisadores Convidados

**TÍTULO DA MATÉRIA:** Como enfrentar os problemas éticos do Projeto Genoma Humano?

**ÊNFASE NO PGH:** Questões éticas no contexto do PGH.

**II- DESCRIÇÃO DA MATÉRIA:**

Este é o primeiro artigo com enfoque em questões éticas acerca do PGH, publicado pela Ciência Hoje. Com foco em perspectivas futuras de problemas sociais como discriminação com o advento deste conhecimento, a revista convidou nove especialistas de vários institutos de pesquisa (UNICAMP, FIOCRUZ, UFRGS, UFPR, USP, UFRJ e UFMG) para opinar acerca da questão que intitula este artigo.

Dentre as opiniões destes é notória a preocupação com caminhos não-éticos para os resultados do PGH, principalmente no que se diz restringir seus benefícios a alguns e negligenciar outros. Fica clara a necessidade de uma adaptação de nossa sociedade ao impacto das descobertas científicas que cada vez mais se inserem em nosso cotidiano e influenciam nossas vidas. A fim de garantir uma maior democracia e evitar que este conhecimento agrave ainda mais os problemas sociais a nossa nação, os autores salientam a necessidade de discussões (sejam em comitês de ética ou entre a sociedade em si), popularização do conhecimento científico (neste caso biológico) e adequação legal. Sérgio Pena (UFMG) traz fatos relativos ao próprio PGH, como sua abrangência para problemas éticos e legais, assim como a participação de brasileiros, através da HuGO.

Vale destacar que, apesar de trazer discussão *ética* e preocupação, Marcos Palatnik (UFRJ) se faz entender um interpretador simplório da sociedade, em suas perspectivas sociais aos resultados do PGH. Ao propor uma atenuação penal a criminosos que tenham seu *temperamento e comportamento geneticamente determinados* é clara a visão determinista deste pesquisador. Sugerir a implantação de centros e sociedades de referência genéticas atreladas ao poder judiciário executivo e legislativo, nessa perspectiva, pode ser muito danoso, pois sugere o início para a construção de uma sociedade aos moldes do mundo de Vincent, protagonista da *genecracia* da ficção cinematográfica *Gattaca*.

Ao responder a questão “Como enfrentar os problemas éticos do Projeto Genoma Humano?” pode-se observar que uma visão reducionista do potencial do PGH se mostrava presente em argumentações de alguns pesquisadores. Exemplo claro se mostra presente na argumentação de Bernardo Beiguelman, que aponta o projeto como base de dados para uma

futura terapia gênica, iminente, onde estes conhecimentos possibilitariam *a correção de defeitos genéticos*:

*“[...] , aumentará a possibilidade de correção dos defeitos hereditários, por substituição do material genético alterado. Ora tendo em mente que, antes do Projeto Genoma Humano (PGH), a averiguação precoce dos portadores de genes com efeito deletério não era utilizada com fins discriminatórios, por que supor que ela venha a servir, agora, fins tão odiosos, justamente num momento em que a perspectiva de correção de todos os defeitos genéticos está tão próxima? Sob esse aspecto, portanto, o PGH não pode ser criticado.”* (BEIGUELMAN, em CIÊNCIA HOJE, 1994)

Beiguelmam superestima o potencial dos resultados do PGH. Porém, a ingenuidade não está presente apenas em seu texto. Eloi Garcia, com uma retórica mais discreta, também apresenta uma esperança exagerada dos resultados do empreendimento:

*“[...] o PGH vem produzindo enorme desenvolvimento científico e tecnológico. Possibilidades de curas de vários erros inatos do metabolismo, por terapia genética, e diagnóstico mais sensível de várias doenças (algumas ainda de diagnósticos precários), **estão se tornando realidade.**”* (GARCIA, em CIÊNCIA HOJE, 1994)

Argumentos como esse levam a questionar se esses conceituados pesquisadores realmente acompanhavam os detalhes do PGH, ou entendiam o que era investigado pelo consórcio internacional. Se acompanhavam as discussões dos grupos de estudo envolvidos no projeto quanto a resultados e aplicações dos resultados preliminares até então investigados. A ilusão de uma tecnologia eficaz de terapia gênica como resultado da genômica é evidente. Outra questão é a confiança da própria CH em seus colaboradores e ausência de crítica ao material recebido, considerando que alguns argumentos trazem uma visão simplória de ciência e sociedade.

Observa-se que ser um pesquisador importante em Biologia Molecular não necessariamente confere ao pesquisador a qualidade de um avaliador do impacto dessa tecnologia na sociedade. Essa afirmação justifica-se em textos como o de Marcos Palatnik, cuja perspectiva sociológica parece ter por base apenas livros de ficção científica de sociedades tecnológicas fantásticas. Sua retórica equivocada sugere uma interpretação apocalíptica do genoma, onde através de um mapa genético de um indivíduo, poderiam se traçar todos os seus potenciais/riscos, defendendo a utilização desta informação como

necessária a decisões políticas e jurídicas, determinando o nicho trabalhista que este deverá ocupar, de acordo com *sua natureza*.

Vale ressaltar que neste artigo, por mais que haja certo exagero entre argumentos de alguns pesquisadores, é consenso a quebra do paradigma de ciência neutra a sociedade. Porém, a perspectiva apresentada por alguns autores suscitam preocupações relevantes, como uma interpretação determinista de um mapa genômico por empregadores, onde o genoma poderia acompanhar o currículo de quem pleiteia vagas, influenciando decisões assim como eventualmente mapas astrais ainda fazem (FROTA-PESSOA em CIÊNCIA HOJE, 1994). O alerta de Sergio Pena a questões negligenciadas, como a fome no Brasil, é de grande importância, uma vez que até então, e atualmente, essa problemática é maior que doenças genéticas.

Distinguir questões plausíveis das fantásticas, quando se considera a chancela da SBPC nesses argumentos, se mostra um desafio hercúleo mediante o conhecimento do cidadão comum, mesmo cientista, diante do avanço de pesquisas em áreas complexas do conhecimento. Isso implica ao leitor desenvolver criticidade para interpretar essas afirmativas e tirar suas conclusões de acordo com a autonomia construída pelos seus conhecimentos do assunto, quanto às expectativas verossímeis que esse suscita.

Os vícios similares aos do artigo anterior também se fazem presentes no outro artigo da mesma edição (ficha V). Esse, sobre um primeiro mapeamento do genoma humano, possui uma apresentação que confunde, uma vez que sugere a elucidação de informações do genoma que só se fizeram conhecidas da comunidade científica e leiga informada após a divulgação do rascunho do PGH, no início de 2001. É um exemplo de uma estratégia de mídia utilizada para chamar atenção do leitor, utilizar de uma manchete ambígua, porém se retratar no corpo do texto da matéria. O acontecimento real fica claro ao se realizar a leitura do artigo a luz de conhecimentos do genoma até então. A principal novidade relatada é o uso de bibliotecas genômicas de grande capacidade de armazenamento de informação (YACs, *Yeast Artificial Chromossomes*) para se isolar e estudar o Genoma.

**Ficha V:****FICHA PARA AVALIAÇÃO DOS ARTIGOS DA CIÊNCIA HOJE****I – IDENTIFICAÇÃO:**

Nº:99            MÊS/ANO:abr/1994      VOL.:17            PÁGINA:50-51

**COLUNA:** É Bom Saber

**AUTOR:** Ciência Hoje e Pesquisadores Convidados

**TÍTULO DA MATÉRIA:** O primeiro mapa do genoma

**ÊNFASE NO PGH:** Sondagem preliminar do genoma e perspectivas.

**II- DESCRIÇÃO DA MATÉRIA:**

Este artigo divulga previsões que permearam o PGH até a divulgação de seu principal rascunho, em fevereiro de 2001. Através da tecnologia de grandes bibliotecas de DNA utilizando leveduras como armazenadores de genes humanos (as YACs), o que é divulgado pelos cientistas franceses e disponibilizado ao mundo através da *Nature* e via internet é vislumbrado em 100 mil genes a serem sequenciados no genoma de nossa espécie, com a perspectiva de mais 11 anos para a tarefa (finalização em 2005).

Nesta matéria, são consultados pesquisadores de vários institutos de pesquisa em nosso país (UFRJ, UFRGS, FIOCRUZ, UFMG, USP e UFP), e com distintas opiniões, estes apontam que por mais que esta notícia seja importante e um feito novo, não é resultado de uma tecnologia revolucionária, uma vez que a tecnologia já existia. Apesar de um marco para o PGH, como aponta Sergio Pena, tem sua técnica aberta a críticas, como explicita Francisco Salzano, sobre os problemas que podem ocorrer com a utilização das mega-YACs e sua baixa resolução. Mas está aberto a equívocos, como a interpretação de Oswaldo Frota-Pessoa, que superestima os resultados do estudo, ao apresentá-lo como um fato histórico. Também traçam perspectivas triviais aos resultados do projeto, como o estudo de doenças, questões éticas e legais e possíveis tratamentos futuros, como a terapia gênica.

Com uma leitura minuciosa, se conclui que o objetivo deste artigo foi divulgar um mapeamento simples do genoma, não bem o PGH em si, realizado por um centro de estudos francês. Este mapa, apesar de apresentar alguns erros associados, de acordo com a própria matéria, foi apresentado pela Ciência Hoje como uma informação esclarecedora ao empreendimento e resultados do PGH. No entanto *as novidades* que a revista apresenta são frustrantes, já apresentadas antes em outro artigo (“*A megaciência dos genes*”, nº88, vol. 15), que já permeavam pela comunidade científica, como a perspectiva de 100 mil genes para nosso genoma. Sendo essa uma das conclusões do grupo de estudos francês chefiado por Daniel Cohen, a limitação da informação apresentada no artigo espelha o grau de imprecisão do Centro de Estudos do Polimorfismo Humano quanto ao genoma, ou da CH ao interpretar sua contribuição à Biologia Molecular.

Como apresentado anteriormente na metodologia, houve dificuldades em se filtrar artigos que tivessem por temática principal a divulgação do PGH, e isso se mostrou claro no artigo de julho de 1994. Este apresenta um Projeto Genoma de Parasitos (PGP), que não se encaixaria originalmente no projeto. Porém sua ligação com a pesquisa relatada no artigo anterior, permitiu sua seleção no escopo de investigação desta monografia. A discussão é relevante, focada em questões éticas e sociais, além da contribuição do sequenciamento completo do genoma humano à biologia humana. Também comenta a participação dos países de terceiro mundo no PGH (ficha VI).

#### **Ficha VI:**

#### **FICHA PARA AVALIAÇÃO DOS ARTIGOS DA CIÊNCIA HOJE**

##### **I – IDENTIFICAÇÃO:**

**Nº:**101            **MÊS/ANO:** jul/1994    **VOL.:**18            **PÁGINA:**88-90

**COLUNA:** Ciência em Dia

**AUTOR:** Luisa Massarani

**TÍTULO DA MATÉRIA:** Combate a doenças tropicais

**ÊNFASE NO PGH:** PGH e aplicações de sua tecnologia.

##### **II- DESCRIÇÃO DA MATÉRIA:**

Aparentemente este artigo não teria grande destaque nos objetivos de análise deste trabalho, assim como vários outros posteriores, porém observa-se uma relação direta de seu tema principal, o sequenciamento do genoma de parasitos com a criação pela OMS de um projeto destinado a esse fim, o Projeto Genoma dos Parasitos (PGP). Com perspectivas otimistas, principalmente devido ao benefício em potencial destas informações a países de terceiro mundo, que sofrem com altos índices de doenças parasitárias, sugerem-se até uma destinação de 5% da verba do PGH para essas pesquisas com genoma de parasitos humanos.

Mas a presença deste artigo nessa análise se dá pelo *box* “Cooperar não é competir”, onde dois pesquisadores que participaram da elaboração das linhas gerais do PGP, o francês Denis Le Paslier, da equipe Cohen, e o norte-americano Van Sheffield, da Universidade de Iowa, desmistificam a ideia de rivalidade entre os laboratórios franceses e americanos em relação ao sequenciamento do genoma humano. O argumento dos dois sugere uma parceria em detrimento de uma competição equívoca. Nota-se também a principal ênfase, por esses, no conhecimento do PGH para a aplicação a doenças. Independente das questões éticas que discutem nessa pequena entrevista, várias anteriores ao próprio projeto, Sheffield critica sua abrangência aos países de terceiro mundo, apresentando a aplicação à saúde como enfoque principal do PGH, para o benefício do *paciente*.

Em 1998, por sua vez, a CH trouxe uma abordagem diferente à discussão do PGH. Nota-se que a perspectiva onírica da informação genômica como panacéia para vários males, ou como espelho genético das capacidades e da personalidade de um indivíduo, seguiu minguando, enquanto outros termos surgiam em discussão nos artigos sobre o sequenciamento. Eloi Garcia discute uma nova questão incipientemente conhecida na época, a “proteína genômica”, proteômica ou proteoma (ficha VII). Esta consistia numa nova investigação a se investir esforços, a qual seria mais informativa que a genômica, onde um mapa análogo de proteínas dos tipos celulares e suas interações, são escopo do estudo. Isso reflete a conscientização dos geneticistas e bioquímicos quanto aos limites dos resultados do PGH, que por sua vez revelou a necessidade da formulação de novas perguntas quanto ao objetivo de entender o completo funcionamento do organismo e suas células.

**Ficha VII:****FICHA PARA AVALIAÇÃO DOS ARTIGOS DA CIÊNCIA HOJE****I – IDENTIFICAÇÃO:**

Nº.:144                    **MÊS/ANO:** nov./1998                    **VOL.:**24                    **PÁGINAS:**50-51

**COLUNA:** Opinião

**AUTOR:** Eloi S. Garcia

**TÍTULO DA MATÉRIA:** O passo seguinte ao genoma

**ÊNFASE DO PGH:** Conscientização da necessidade de áreas complementares à genômica, como a proteômica.

**II - DESCRIÇÃO DO ARTIGO:**

O autor inicia a matéria com um panorama do Projeto Genoma Humano (PGH) até o momento. Neste, destaca custos e a proporção do desafio de se conhecer o genoma, projetando sua conclusão e a informação que este trará, além do impacto do conhecimento dos genes para a ciência biomédica. Destaca em um parágrafo a preocupação do PGH com questões bioéticas, em escala financeira.

Com um discurso otimista, o autor focaliza o artigo na aplicação dos conhecimentos que serão obtidos do genoma da espécie humana. Mostra a importância do desenvolvimento de uma nova área para a ciência do DNA, a “proteína genômica”, ou “proteômica”, e o interesse de empresas da área da biotecnologia para este conhecimento. Também apresenta uma proposta talvez ainda mais audaciosa que o PGH, o “mapa da interação protéica”. O cruzamento desta ciência com a genômica poderá trazer significado ao resultado do sequenciamento, possibilitando identificar a participação de cada gene mapeado no PGH, gerando perspectivas revolucionárias para as pesquisas e tratamentos médicos. Porém no próprio artigo o autor cita empecilhos ao desenvolvimento do mapa de interações, decorrentes de projeções preliminares de algumas interações e falta de conhecimento sobre os próprios genes. Termina seu texto destacando a importância de investimentos em biotecnologia aplicada ao estudo de enfermidades comuns ao nosso país.

Em seu discurso, Eloi Garcia deixa claro o otimismo que quer transmitir, ao projetar o futuro do PGH, com expressões como “desvendar os segredos da vida”. Declina em alguns conceitos, como o conceito de gene, porém isso pode ser fruto do contexto de época, uma vez que a matéria data de 1998, onde talvez a visão de “um gene, uma proteína” ainda fosse muito difundida. É interessante destacar fatos como este, pois mostram como conceitos podem se modificar ao longo do tempo.

O ano 2000 se destaca dentre todos os outros investigados. Com o acirramento da rivalidade entre os pesquisadores do Projeto Genoma Humano, devido ao sequenciamento paralelo realizado pela *Celera Genomics* e a iminência da publicação do primeiro rascunho do genoma, o assunto se mostrava continuamente presente, alimentado por informações pontuais

liberadas neste ano. Estas já suscitavam conclusões que conflitavam com o conhecimento até então. Entre os artigos selecionados nesta investigação, 25% foram deste ano, onde também foram publicados artigos que não tinham o PGH como foco, porém traziam resultados alcançados com o advento de sua tecnologia. Uma das pesquisas de maior orgulho ao Brasil, a conclusão do mapa genético da bactéria agrícola *Xyllela fastidiosa* foi assunto das páginas de abril (n°159, vol.27) deste ano na revista. Em junho (n°161, vol. 27), o clássico modelo animal da genética, a *Drosophila melanogaster*, também teve seu genoma completamente mapeado, *coroando um século da genética*, nas palavras de José Mariano Amabis (2000). É importante destacar um outro artigo, uma entrevista ao neurocientista chileno Nivaldo Inestrosa (n°167, vol.28). Em uma entrevista que discute perspectivas para a pesquisa de novos tratamentos ao Mal de Alzheimer, Inestrosa comenta que o PGH não tem contribuição de valor à pesquisa de Alzheimer, uma vez que a doença possui grande histórico de pesquisa, e sua base genética já é de conhecimento da comunidade científica há certo tempo (INESTROSA, 2000).

Quanto aos artigos desta investigação, o ano 2000 iniciou com um excelente texto de Franklin Rumjanek. Neste já se pode observar a influência dos resultados preliminares ao rascunho do genoma. Este foi o primeiro texto a descrever a alteração da perspectiva de 100 mil genes, que Rumjanek apresenta como ainda no número superestimado de 61 mil genes. A previsão de conclusão do projeto também sofre alteração, sendo esperada para 2003 (ficha VIII).

**Ficha VIII:****FICHA PARA AVALIAÇÃO DOS ARTIGOS DA CIÊNCIA HOJE****I – IDENTIFICAÇÃO:**

Nº:158

MÊS/ANO:mar/2000

VOL.:27

PÁGINA:11-12

**COLUNA:** Mundo de Ciência**AUTOR:** Franklin D. Rumjanek**TÍTULO DA MATÉRIA:** O 22 já foi, só faltam 22.**ÊNFASE NO PGH:** Desenvolvimento do PGH, sequenciamento completo do cromossomo 22.**II- DESCRIÇÃO DA MATÉRIA:**

O pesquisador e divulgador de ciência Franklin Rumjanek nesta matéria apresenta um panorama do andamento do Projeto Genoma Humano até o presente momento, com o sequenciamento completo do cromossomo 22, divulgado em uma edição do periódico *Nature*, por ele citado.

O pesquisador apresenta um bom domínio do discurso, utilizando-se de algumas analogias, como o PGH sendo um “dicionário” do genoma. Esta se mostra infeliz, uma vez que o projeto apenas cataloga a descrição física de cada gene, cujo resultado é uma sequência de “As”, “Cs”, “Gs” e “Ts” justapostos, representando as bases nitrogenadas que compõem os segmentos do DNA onde estão inseridos. Logo, esta analogia leva a um raciocínio tendencioso, afinal o dicionário seria a interpretação dos “verbetes” que são mapeados no PGH.

Mas a matéria possui uma discussão simples e clara do “por quê” de tantos países, laboratórios e pessoas envolvidas com o projeto. Apresenta as perspectivas momentâneas do projeto, a partir de seus resultados parciais, projetando os próximos passos. A proposição original de 100 mil genes, neste momento, já decaíra para 61 mil, e a conclusão do sequenciamento foi postergada para 2003.

Rumjanek também apresenta informações complementares, como as doenças influenciadas pela genética, relacionadas a alelos presentes no cromossomo 22. Sua argumentação, por mais que defenda a hipótese de que o conhecimento dos genes deste cromossomo auxiliem em cuidados de prevenção a estas doenças, se mantém no campo das possibilidades, logo não se mostrando um argumento estritamente determinista.

Rumjanek contextualiza de forma simples o projeto em andamento, citando suas dificuldades e necessidades. Sua leitura é clara, e destaca-se no texto sua interpretação sobre o impacto da conclusão do sequenciamento:

*“O que significa esse importante marco? Os próprios editores da revista Nature, comentando o trabalho, admitem que, no momento, não muito.” (RUMJANEK, 2000)*

Com um texto rico em analogias, situa o papel dos atores envolvidos no episódio e do resultado até então alcançado. Destaca a importância de colaborações entre cientistas e laboratórios, uma tendência necessária à audaciosos empreendimentos, como o PGH, caracterizando um exemplo didático do andamento de uma grande pesquisa científica.

Em julho de 2000, o proteoma se faz presente novamente nas páginas da Ciência Hoje, como tema do texto de José Belizário, então professor e pesquisador da USP. Diferente do texto de Rumjanek, Belizário traz um discurso de frequentes menções ao divino e a Deus. Seu texto é menos atraente que o primeiro artigo sobre o mapa protéico, porém se mostra mais informativo que o artigo de Eloi Garcia (1998), constituindo um material que analisado com cuidado, permite a um leigo paciente e interessado relacionar a tradução gênica com a proteômica (ficha IX).

**Ficha IX:****FICHA PARA AVALIAÇÃO DOS ARTIGOS DA CIÊNCIA HOJE****I – IDENTIFICAÇÃO:**

Nº:162

MÊS/ANO:jul/2000

VOL.:27

PÁGINA:78-81

**COLUNA:** Opinião**AUTOR:** José Ernesto Belizário**TÍTULO DA MATÉRIA:** Proteoma: o desafio tecnológico para o século 21**ÊNFASE DO PGH:** Transformações no campo da genética molecular e proteômica.**II- DESCRIÇÃO DA MATÉRIA:**

Belizário inicia este ensaio destacando o surgimento de uma área da Biologia que nasceu e cresceu muito no século passado, a Genética Molecular. Aponta que em dado século, conhecer a estrutura e funcionamento do genoma e caminhar para um sequenciamento completo desta estrutura para a espécie humana foram grandes conquistas. Porém o desafio para o século 21 é trazer esta informação para uma abordagem funcional no organismo. É importante conhecer quantos genes temos e sua localização em nosso genoma, identificando onde as raras sequências codificantes, segundo ele, aproximadamente 3% do genoma, se inserem nos 23 pares de cromossomos que compõem as moléculas de DNA do núcleo de nossas células (os 97% restantes).

O autor apresenta os grandes avanços a que chegamos a partir do desenvolvimento da Genética e Biotecnologia, como a genética molecular e seus “dogmas” se alteraram, assim como os conceitos em biologia celular, principalmente os relacionados à resposta celular a sinalizadores metabólicos. Defende que, apesar dos grandes avanços que um sequenciamento completo do DNA (o Projeto Genoma Humano) possa trazer, este é apenas um estudo inicial, pois para se entender os mecanismos químicos e fisiológicos da vida, muitos estudos ainda tem de ser feitos, como o estudo das proteínas e metabolismo. Assim defende a importância do crescimento da Proteômica, uma área que em muito pode contribuir para ajudar nesta busca “dos mistérios que a vida nos apresenta”. Descreve perspectivas a este conhecimento, como novos tratamentos a doenças. Em seu discurso, noções clássicas de fisiologia celular, como a ação de fármacos em células, metabolismo e regulação gênica estão presentes, assim como exemplos do desenvolvimento deste tipo de estudo e de técnicas de identificação de proteínas. É visível a importância do desenvolvimento tecnológico para o avanço desta ciência emergente no texto de Belizário.

Porém é importante destacar que, apesar de um texto um tanto centrado em “buscar os mistérios da vida”, ou encontrar “a força misteriosa e divina da vida”, em um trecho de seu texto o autor apresenta a importância do ambiente, além dos fatores genéticos, na vida dos organismos. É muito provável que este autor não interprete a Genômica de maneira determinista, porém sua argumentação se mostra viciada por termos muito utilizados na área.

Uma leitura crítica, a luz de conhecimentos básicos de biologia, se faz importante em artigos como este. Expressões como “arquivo oculto da vida” se mostram similares ao

clássico “livro da vida” ou “receita da vida”, utilizadas por alguns autores do campo científico ao tentar tornar clara a ideia de importância e função do genoma ao público leigo. Essa simplificação, porém, pode ter o efeito contrário ou até nocivo, uma vez que na raiz dessas analogias está implícito um determinismo genético (GOLDBACH e EL-HANI, 2008). A insistência de Belizário em utilizar termos como “a força misteriosa e divina da vida”, pode induzir ao leitor a ideia da descoberta da base biológica da alma, ou a essência da vida, como um dos objetivos deste tipo de estudo, uma motivação para sustentar argumentos pseudocientíficos, como um sincretismo forçado entre conceitos científicos e a fé dogmática do leitor. Noções equivocadas incluem o genoma como livro e o código, onde está escrito o destino de um indivíduo, ou a associação de fatores epigenéticos à base biológica do *karma*. A alfabetização científica tem papel importante na imunização contra esses equívocos uma vez que a pessoa consiga refletir sobre a diferença entre dogma e ciência, sua dialética e o limite destas duas formas de conhecimento.

Em agosto de 2000, o artigo de Mayana Zatz trouxe a notícia de que 90% do rascunho do genoma já tinha sido mapeado. Esse fato acompanhava a conclusão do sequenciamento do cromossomo 21. Seu artigo não é tão atraente quanto o de Rumjanek sobre o cromossomo 22, trazendo breve descrição dos resultados do sequenciamento, sendo seu principal enfoque uma descrição de patologias associadas a genes presentes no cromossomo 21. Porém, por mais que na época fosse uma das mais respeitadas autoridades em pesquisas genéticas no Brasil, e até então é, Zatz traz um texto aberto a interpretações claramente deterministas do papel dos genes e do PGH. Seu artigo é um exemplo do cuidado que um autor de referência deve ter ao comunicar fatos científicos ao público leigo, pois como todo pesquisador de renome, a chancela de seu nome representa a *palavra da Ciência* (ficha X).

**Ficha X:****FICHA PARA AVALIAÇÃO DOS ARTIGOS DA CIÊNCIA HOJE****I – IDENTIFICAÇÃO:**

Nº:163      MÊS/ANO:ago/2000      VOL.:28      PÁGINA:13-14

**COLUNA:** Mundo da Ciência

**AUTOR:** Mayana Zatz

**TÍTULO DA MATÉRIA:** A importância dos estudos sobre o cromossomo 21

**ÊNFASE NO PGH:** Divulgação do andamento do PGH, sequenciamento completo do cromossomo 21.

**II- DESCRIÇÃO DA MATÉRIA:**

Zatz traz uma atualização do PGH até então. Porém, sua retórica se mostra claramente determinista ao genoma com um texto apresentando a ideia de “um gene → uma doença”, um pré-conceito comum na população leiga e ignorante em biologia, que traz conclusões equivocadas, principalmente na interpretação de informações e notícias, ligadas a genética.

Essa matéria tem por inspiração uma publicação da *Nature*, divulgando a conclusão e resultado do sequenciamento do cromossomo 21. Zatz apresenta uma projeção do andamento do PGH até o momento da matéria. Mostra as esperanças trazidas pelo conhecimento deste cromossomo, principalmente em relação à síndrome de Down, condição associada à trissomia do cromossomo abordado na matéria.

A autora aproveita a temática para apresentar sucintamente os cromossomos, diferenciando os autossômicos dos sexuais e destacando as características anatômicas dos dois menores, 22 e 21, cujo tamanho explica o porquê destes serem os primeiros sequenciados. Também apresenta o quadro cromossômico da síndrome de Down. Ela caracteriza o cromossomo 21, quanto a relativamente baixa quantidade de genes, e a possível explicação da alta taxa de sobrevivência de portadores da trissomia deste cromossomo, em relação a síndromes relacionadas a trissomia de outros.

Segue o texto caracterizando outras patologias relacionadas a genes mutantes neste cromossomo, cujos estudos anteriores ao mapeamento do cromossomo já se mostravam presentes. Cita um gene relacionado à síndrome de Knobloch, sequenciado por um laboratório da USP.

Zatz traz uma discussão informativa sobre doenças de base genética, porém seu discurso é tendencioso, genecêntrico. Este artigo, equivocadamente, leva a concluir que ao conhecer um *gene, uma doença*, pode-se chegar a um tratamento deste, e que a contribuição do PGH para este fim trará resultados imediatos, alimentada por erros conceituais e pela lógica da panacéia.

Em novembro de 2000, o genoma foi matéria de capa da CH, em duas publicações diferentes, de grande tamanho, o projeto como escopo do debate. O primeiro, de Vera Costa, não apresenta grandes novidades (ficha XI). Notícia *a conclusão do sequenciamento do*

*genoma, cinco anos antes do previsto*, anunciado em julho daquele ano, alimentando expectativas de disponibilização iminente dessa informação.

**Ficha XI:****FICHA PARA AVALIAÇÃO DOS ARTIGOS DA CIÊNCIA HOJE****I – IDENTIFICAÇÃO:**

Nº:166            MÊS/ANO:nov /2000            VOL.:28            PÁGINA:22-27

**COLUNA:** “Genética”

**AUTOR:** Vera Rita da Costa

**TÍTULO DA MATÉRIA:** Genoma Decifrado, trabalho dobrado

**ÊNFASE NO PGH:** Perspectivas do PGH, questões éticas e introdução ao tema.

**II- DESCRIÇÃO DA MATÉRIA:**

Este é um artigo de divulgação cujo objetivo é relatar um panorama do PGH após o anúncio do sequenciamento completo do genoma em julho deste ano. Descreve também em números os gastos do projeto até então, assim como a situação, o quadro existente de um sequenciamento incompleto, com algumas falhas e muito ainda a fazer. No entanto, vislumbra-se o que poderia ser no futuro a ser chamado *Projeto Proteoma*: o estudo da interação das proteínas codificadas por esses genes. Neste momento, ainda se acreditava em um genoma com 100 mil genes para a espécie humana.

Traçando um artigo introdutório para a discussão realizada no artigo posterior na mesma revista (“*As Promessas e os Riscos*”), Vera Costa apresenta algumas esperanças difundidas no momento do resultado do projeto, como a de diagnósticos precoces para possíveis patologias de origem genética (“defeitos”), assim como questões éticas, com comentários de Mayana Zatz. Fica clara a preocupação presente há certo tempo, do desenvolvimento do “aperfeiçoamento genético”, assim como do diagnóstico muito precoce para doenças que atingem apenas indivíduos de idade avançada, cuja tratamento eficiente ainda não foi desenvolvido da ameaça à privacidade genética, uma vez que as novas tecnologias permitirão observar as características genômicas de cada indivíduo. Deve-se portanto, pensar na gestão desta informação.

Para complementar sua introdução, Vera também traz uma breve Linha do Tempo da Genética e Biologia Celular, desde a participação de Hooke na descoberta da célula, em 1665, até a divulgação do fim do sequenciamento, em 2000. Apresenta também, brevemente, a história da Biologia Molecular, citando a dificuldade que pesquisadores tiveram para estudar as moléculas do DNA no passado. Situa o papel do Brasil em pesquisas genômicas, principalmente no mapeamento do genoma de parasitos e da bactéria *Xylela fastidiosa*, assim como o emprego dessa tecnologia para uma outra perspectiva de compreensão desses organismos. O texto apresenta ainda uma visão bastante esperançosa dos resultados do PGH, principalmente em relação à sua contribuição para as pesquisas médicas.

Pelas informações que o artigo apresenta, observa-se que seu principal objetivo é situar o leitor que ainda desconhece o PGH a este empreendimento. Considerando que o próximo artigo viria a trazer questões importantes de discussão, esse se faz útil para uma interpretação mais crítica. Porém, mantém uma retórica relativamente otimista, marcada pela ingenuidade de ainda considerar os resultados da genômica como resposta às questões sobre o que vem a

ser o ser humano, diferenças entre indivíduos, assim como James Watson defendia no início da década de 90, ao fazer parte da direção do PGH (LEITE, 2006). No entanto a própria autora desconhecia fatos já revelados anteriormente pela CH, como a quantidade de genes que compunham o ser humano. Rumjanek em março, já apresentara um número muito menor de genes, 61 mil (“O 22 já foi, só faltam 22”, nº158, vol. 27), sustentado pelos resultados até então, e que futuramente viria a ser derrubado. Seria ignorância da autora ou sua intenção gerar equívoco, levando a uma interpretação errônea da importância ao acontecimento? Este artigo divulga a *conclusão do sequenciamento*, quando o que era prometido até então, e foi realizado em fevereiro de 2001, era a divulgação do **rascunho** do genoma humano.

O segundo artigo publicado em novembro de 2000 é reflexivo, onde mais uma vez a CH convida personalidades para responder questões sobre a temática do PGH (ficha XII), sob a coordenação de Vera Costa. Entretanto, esse artigo se difere dos demais pela diversidade de opinadores. Neste, 13 autoridades em diferentes áreas de atuação trazem sua contribuição à reflexão do leitor da CH: um advogado, oito pesquisadores em ciência, dois bioeticistas e dois religiosos (um rabino e um cristão). Fica clara a intenção, neste artigo, de não apenas repetir a proposta de abril de 1994 (“*Como enfrentar os problemas éticos do Projeto Genoma Humano?*” nº99, vol. 17), mas também promover uma discussão mais abrangente sobre os impactos sociais, éticos e filosóficos deste empreendimento, através de distintas perspectivas.

**Ficha XII:****FICHA PARA AVALIAÇÃO DOS ARTIGOS DA CIÊNCIA HOJE****I – IDENTIFICAÇÃO:**

Nº:166

MÊS/ANO:nov/2000

VOL.:28

PÁGINA:28-35

**COLUNA:** Matéria de capa**AUTOR:** Vera Rita da Costa**TÍTULO DA MATÉRIA:** As promessas e os riscos**ÊNFASE NO PGH:** Impactos do PGH à sociedade e ao conhecimento humano.**II- DESCRIÇÃO DA MATÉRIA:**

Visando fornecer subsídios a uma interpretação global das potencialidades do Projeto Genoma Humano (PGH), no contexto em que as previsões de tempo de conclusão se mostravam cada vez mais breves, a correspondente da Ciência Hoje, Vera Costa, apresenta a opinião e reflexão de variados profissionais, porém cuja atuação se dá em áreas relacionada a bioética, pesquisa biotecnológica, divulgação científica e até religiosidade. Estes expõem sua interpretação acerca do projeto refletida na resposta a duas perguntas que a organizadora propõe:

1. O que se pode esperar do sequenciamento do genoma humano?
2. Quais os principais problemas éticos e filosóficos que o sequenciamento traz?

É interessante destacar que cada profissional tem seu tipo de resposta, que segue desde uma grande preocupação social à um enfoque mais científico. Apontam-se variadas problemáticas, como patentes de genes, má interpretação desta ciência e até a influência desta no mercado de trabalho e negócios, onde o perfil genético pode se mostrar no futuro mais um requisito a ser anexado no currículo de profissionais, podendo levar a equívocos danosos à sociedade. Também apresentam as clássicas perspectivas positivas, como eficácia em prevenção e tratamento de doenças e autoconhecimento.

Fato notório é que todos os profissionais consultados apresentam uma visão abrangente do genoma ou PGH. Apresentam como risco principal o mal uso da informação através de fins egoístas. Nem mesmo os teólogos, representados por um judeu e um cristão, apresentam uma visão fechada acerca deste advento científico, compartilhando com médicos, biólogos e advogados, à sua maneira, a aceitação deste conhecimento, reconhecimento de potencialidades positivas e preocupação com a propagação da discriminação através da ótica genética e mau uso do saber.

Vale ressaltar que, neste momento, as intenções e perspectivas do PGH eram bastante claras na comunidade científica como um todo. Quaisquer retóricas determinista/reducionista, ou tendenciosidades então poderiam ser consideradas tanto resultado de ignorância ou equívoco de seu defensor, quanto intenção de manipular a comunicação de suas informações. Um exemplo da lucidez científica acerca do tema se encontra nas respostas de Ricardo

Ferreira às questões da CH. Este situa os resultados do Projeto Genoma à sua insignificância em relação às expectativas alimentadas há anos. Como marco ideológico inicial a várias aplicações biomédicas, Ferreira aponta que ainda serão necessários muitos anos para *talvez* conceber terapias e tratamentos mais precisos. Preocupa-se com as ações que poderiam acontecer nessa Era Pós-genômica que se iniciava, como o patenteamento de genes, e principalmente, com as concepções equivocadas acerca do genoma:

*“Além do problema do patenteamento dos genes, (...) há o perigo de acreditar que o ser humano está todo contido no seu genoma. Ideias como essas, (...) deram origem aos absurdos dos eugenistas (...) e mesmo ao barbarismo racial nazista. O Homo sapiens, com suas construções sociais, é muito mais do que uma sequência de bases do seu genoma. A hipervalorização dessa grande conquista técnica certamente está repleta desses perigos.”*  
(FERREIRA, em COSTA, 2000-b)

Pode-se destacar também o discurso de Francisco Salzano. Com um texto questionador, ele reduz o resultado do PGH não bem como a resposta, mas sim como ponto de origem para muito mais questões. Em poucos parágrafos, é apresentado um panorama geral do potencial do Projeto Genoma: um mapa genômico que permite que saibamos quantos As, Ts, Gs, e Cs temos, e como se organizam dentro de nossos cromossomos. Traça questões gerais que ele realmente auxilia a responder, por exemplo, *“qual a ‘estrutura’ do material genético?”* *“como funcionam os genes?”* (SALZANO, em COSTA, 2000-b), afirmando ser mais fácil questionar que responder. Sua perspectiva social é consistente. Diferente de devaneios, como os supracitados em abril de 1994, Salzano traça preocupações de caráter político-econômico, onde a ética deve ser preservada, mediante a possibilidade da utilização de tecnologia genômica (mapeamento da identidade molecular) para abusos e explorações, recorrentes em nossa sociedade de mercado. Alenta para o absurdo de se patentear regiões do DNA, como se este fosse uma invenção ou ideia humana. Atenta para a responsabilidade de cada um para uma boa utilização desse conhecimento, assim como o papel de comitês de ética na discussão de perspectivas dessas inovações de impacto social.

É claro o enfoque prático do PGH durante a década de 90, principalmente para sua aplicação em uma possível terapia gênica, assim como o conhecimento de nossas funções biológicas. Notoriamente essa visão reduzida minguou paulatinamente, trazendo novas questões e a conclusão do mapa genômico representou apenas o fim do início de uma nova era na Biologia Molecular. Porém, a aplicação em potencial do Projeto Genoma, divulgada pela CH até o fim dessa década, deteve destaque na sonhada terapia gênica e tratamento de

doenças. Isso vai de encontro com o contexto defendido pelo consórcio internacional, sob a direção de Francis Collins nesta década.

Os resultados da genômica são muito limitados, considerando-se o que se esperava no início do PGH. Entram em pauta questões relacionadas à dinâmica biológica a qual esse genoma participa, tornando o surgimento do proteoma apenas uma das consequências previsíveis. Os artigos de Garcia (1998) e Belizário (2000) seriam o prelúdio de posterior discussão, o surgimento de uma ciência pós-genômica, a ser levantada no início do novo milênio.

### 6.2.3. Década de 00

A publicação do sequenciamento completo do genoma, pelas revistas *Nature* e *Science*, em fevereiro de 2001, ocorreu no momento em que o mundo caminhava em um clima futurista no início do século XXI. Porém, quando consideramos o PGH como tema principal de um artigo do mesmo ano na CH, esse aparece de forma sutil na entrevista de Walter Gilbert à revista, ou em uma citação em um artigo denominado “*O Futuro do Genoma*” (nº178, vol.30), cujo objetivo era divulgar pesquisas genéticas que estavam ocorrendo no país, não necessariamente dependentes de genômica.

A entrevista de Gilbert, diferentemente do que induz o título, não traz como tema o proteoma, e sim suas opiniões acerca do projeto até então, e suas perspectivas para o avanço da genômica (ficha XIII). Este conduz suas respostas projetando caminho à tecnologia engendrada junto do PGH e seus avanços para a genômica e posteriores áreas que virão a surgir. Traz às páginas da CH pela primeira vez o termo bioinformática, incipiente no século passado, porém que viria a se desenvolver exponencialmente no decorrer desta década, se tornando ferramenta essencial para a análise da quantidade de informações de um genoma.

**Ficha XIII:****FICHA PARA AVALIAÇÃO DOS ARTIGOS DA CIÊNCIA HOJE****I – IDENTIFICAÇÃO:**

Nº:173            MÊS/ANO:jul/2001    VOL.:29            PÁGINA:8-11

**COLUNA:** Entrevista

**AUTOR:** Walter Gilbert, Entrevista concedida a Bernardo Esteves.

**TÍTULO DA MATÉRIA:** Rumo ao Proteoma

**ÊNFASE NO PGH:** Tecnologia do PGH, conhecimento e aplicações.

**II- DESCRIÇÃO DA MATÉRIA:**

Em uma entrevista com um dos pioneiros da tecnologia de sequenciamento do DNA, o foco deste artigo é um panorama do projeto e suas perspectivas futuras, sob a lente de Walter Gilbert. O químico e físico inicia o artigo discorrendo sobre a criação de métodos de identificação de bases no qual participou na década de 70, a proposta de sequenciamento completo do genoma, em 1985, a publicação dos rascunhos da sequência do genoma humano, assim como a relevância e importância dessas informações. Em seguida, especula sobre o futuro da genômica, comenta a técnica brasileira de sequenciamento, *Orestes*, e opina acerca do patenteamento de genes.

Por mais que o título sugira uma discussão acerca de proteômica, deve ser interpretado como a perspectiva posterior aos resultados do rascunho do sequenciamento completo do genoma humano. Gilbert apresenta a importância sobre a significação das informações do genoma e o produto da interação dos genes. Apresenta a importância do desenvolvimento de tecnologias de sequenciamento e da bioinformática para lidar com uma enorme quantidade de informações. Também deixa clara a sua opinião favorável a patentes de sequências gênicas. Se bem traduzido pelo entrevistador, apresenta um equívoco entre invenção e descoberta, na frase: “O papel do patenteamento de genes e drogas é encorajar invenções (...)” (GILBERT, 2001), como se os genes fossem invenções humanas. Mas sua opinião não surpreende, já que ajudou a fundar a Myriad Genetics, empresa de biotecnologia que ganhou fama com um dos genes relacionados ao câncer de mama, BRCA1.

Algumas concepções se alteraram em relação a artigos anteriores. A CH já considera um genoma muito menor que o previsto na década anterior, ideia expressa em pergunta da CH a Gilbert:

“A revelação de que talvez tenhamos um número pequeno de genes mostra que devemos prestar mais atenção em aspectos como a interação das proteínas?” (ESTEVEES, em GILBERT 2001)

O “*talvez*” no trecho acima sugere ainda uma dificuldade em aceitar essa informação. A redução de 100 mil genes em nosso genoma, estimados no século passado, para 24 a 30 mil, após rascunho do genoma, foi um dos resultados mais impactantes do sequenciamento. Obrigou a comunidade científica a rever o conceito de gene e investigar minuciosamente o papel da expressão gênica.

Destaca-se no discurso de Gilbert seu apoio à política de patenteamento de sequências gênicas. Essa é uma questão polêmica, uma vez que vai contra questões éticas sobre quem tem direitos sobre o que é natural, se o patrimônio genético pode ser de tutela privada.

A próxima publicação, de abril de 2003, traz o melhor artigo desta seleção de 20 artigos acerca de um fruto ideológico do PGH (ficha XIV). É o primeiro artigo que declara a era “pós-genômica”, que expressa a necessidade de desenvolver novos campos de pesquisa na Biologia Molecular, em vista a limitação observada nos resultados do sequenciamento do genoma.

**Ficha XIV:****FICHA PARA AVALIAÇÃO DOS ARTIGOS DA CIÊNCIA HOJE****I – IDENTIFICAÇÃO:**

Nº:192

MÊS/ANO:abr /2003

VOL.:32

PÁGINA:16-22

**COLUNA:** “Biologia Molecular”**AUTOR:** Adriano Monteiro Castro Pimenta**TÍTULO DA MATÉRIA:** Os desafios do proteoma**ÊNFASE NO PGH:** Pós-genômica: proteoma.**II- DESCRIÇÃO DA MATÉRIA:**

O texto de Pimenta, assim como outros anteriores, reforça a importância do crescimento de uma nova temática a se estudar na “Era Pós-Genômica”, a partir de seus resultados, a Proteômica. Desde a primeira parte de seu texto, é apresentada a importância do sequenciamento do genoma, porém destaca-se que este é apenas um estudo inicial, que sozinho se faz muito limitado. O autor contextualiza o termo proteoma, e discute um pouco a sua recente história, destacando sua importância para o estudo da regulação genética dos tipos celulares.

Com a certeza de um genoma muito menor do que o previsto, e que estes estão “espalhados” por todo o genoma, torna-se importante o estudo das alternativas de transcrição desses genes no organismo (*splicing*), característica que confere nossa diversidade protéica quando comparamos sua quantidade ao genoma. Esse artigo destaca o aumento do interesse pela proteômica de 1995 a 2001 e explica como é realizado esse estudo, assim como o porquê de se estudar o proteoma.

Um destaque necessário deve ser dado ao final da matéria. Pimenta apresenta que conhecer apenas o genoma não abarca o conhecimento geral do funcionamento de uma célula, e que também apenas uma área nova, a proteômica, não supra a necessidade de estudos para este fim. Mostra os outros *omas* que necessitam se desenvolver, como o *transcriptoma* e *metaboloma*. Em um esquema simples na última figura, o autor identifica a que nível cada uma destas áreas se insere, mostrando ao leitor que todos os mecanismos da competência da Biologia Celular ainda necessitam de muito estudo para enfim dizer que são totalmente conhecidos.

Este artigo reforça o que Garcia e Belizário apresentaram anteriormente, a necessidade de rumar esforços para estudos da expressão gênica. Em seu contexto temporal, o mapeamento protéico se mostrava um campo que despertava interesse, porém um plano de investimento futuro, uma vez que ainda eram centrados esforços na busca de rascunho do genoma. Pimenta, a luz de resultados importantes do sequenciamento, já publicados de 2001 a 2003, como a constatação de que o genoma humano possui menos de 40 mil genes, lança questões mais consistentes acerca da complexidade humana, pela perspectiva molecular. Se antes essa era explicada pelo consenso de pelo menos 100 mil genes em nossa espécie, os

resultados até então reduziram essa afirmativa a apenas o dobro da quantidade de genes entre vermes e moscas. O porquê de se ter uma diversidade muito maior de proteínas do que de genes trouxe a uma questão intrigante, enfatizando a necessidade de se desenvolver estudos para explicar esse fato, através dos mapas de interações metabólicas e protéicas das células.

Vale destacar que essa diminuição na estimativa de genes do genoma humano sofreu resistência por parte de alguns. Considerando a CH, isso é implícito no tom de dúvida expresso na pergunta de Bernardo Esteves a Walter Gilbert, em 2001 (*“Rumo ao Proteoma”*, nº 173, vol. 29). Esse artigo revela o crescimento exponencial da importância da proteômica na virada do milênio, assim como a necessidade de novas áreas de estudo, em meio às questões que surgiram com o avanço da tecnologia e dos conhecimentos na Biologia Molecular. Não somente o proteoma, mas outros *omas* também são lançados à investigação:

*“Seria ingenuidade imaginar que as respostas fornecidas apenas pelos estudos de genomas e proteomas bastariam para responder às complexas questões sobre biologia celular, mesmo no caso de organismos simples.”* (PIMENTA, 2003)

Com o sequenciamento do genoma humano, a tecnologia desenvolvida até então permitiu a pesquisadores do mundo inteiro sequenciar genomas de diversos organismos, alimentando os bancos de dados com a identidade genômica das espécies. A sistemática molecular, por sua vez, vem se servindo dessas informações como caracteres de alta confiabilidade em suas árvores de classificação. Em julho de 2003, Rumjanek divulgou o resultado de um estudo controverso de sistemática molecular, que comparou o genoma humano com o genoma de nossos parentes vivos mais próximos, os chimpanzés, publicado na revista PNAS em abril do mesmo ano (ficha XV). O artigo divulga um exemplo notório de interpretação leviana da complexidade humana e sua evolução. Segundo Rumjanek, os resultados mostrados no artigo podem nos induzir a reduzir homens e chimpanzés a uma unidade molecular limitada e atemporal considerando-se a investigação genômica e desconsiderando-se todo o cenário histórico das espécies, e seu reflexo no fenótipo.

**Ficha XV:****FICHA PARA AVALIAÇÃO DOS ARTIGOS DA CIÊNCIA HOJE****I – IDENTIFICAÇÃO:**

Nº:195            MÊS/ANO: jun /2003            VOL.:33            PÁGINA:14-15

**COLUNA:** Mundo de Ciência

**AUTOR:** Franklin Rumjanek

**TÍTULO DA MATÉRIA:** Ser ou não ser *Homo*?

**ÊNFASE NO PGH:** Pós-genômica: Comparação entre genomas

**II- DESCRIÇÃO DA MATÉRIA:**

Este é mais um artigo de divulgação que visa trazer ao público leigo alguns dos resultados de pesquisa apresentados em revistas especializadas importantes. Esta, no caso, é resultado de comparação de dados do projeto genoma utilizados para tentar esclarecer as relações de parentesco entre o Homem e a espécie vivente que mais se aproxima a este, o Chimpanzé. Em termos genéticos, há uma similaridade gênica tão grande, superior a 99,1%, que os autores do artigo original sugerem que o chimpanzé deveria ser considerado do gênero *Homo*.

É interessante destacar que Rumjanek não demonstra concordar totalmente com o artigo, criticando os parâmetros em que os autores se baseiam para propor esta alteração na classificação dos antropóides, através apenas de análise qualitativa dos genes. Ele apresenta os equívocos que o estudo do artigo original pode apresentar, como uma análise presa à similaridade genômica, ignorando fatores como a diferença de expressão dos genes, possível explicação para a similaridade genômica contrapondo a diferença morfológica.

Rumjanek desenvolve esta matéria mostrando porque um tipo de proposta como esta causa tanta discussão no meio científico, que, esporadicamente é apresentada, de acordo com o desenvolvimento de novos conhecimentos que abarcam o conhecimento do próprio animal Homem.

O problema divulgado no artigo de Rumjanek traz em destaque um reducionismo que considera apenas a variação genotípica em uma análise de sistemática biológica, trazendo uma proposição polêmica, que menospreza trabalhos clássicos de diferenciação filogenética. Discussões sistemáticas dificilmente geram consenso em Biologia, porém, as principais classificações vigentes, de base sólida, não apenas consideram similaridade no genótipo, mas também na função biológica dos caracteres, o fenótipo. A classificação em questão desconsidera a história evolutiva dos grupos. Considerar o chimpanzé no gênero *Homo* é considerar os extintos *Australopithecus* e *Paranthropus* como também do gênero *Homo*, uma vez que com certeza são mais relacionados com o Homem Moderno do que o chimpanzé, sendo o primeiro grupo irmão do gênero ao qual pertencemos.

Após 2003, o PGH já não mais rendia destaque nas publicações da Ciência Hoje. Os artigos a seguir, com poucas exceções, foram selecionados por ter o PGH com relevância em seu texto (encaixando-se no perfil dos objetivos), porém não trazem mais notícias sobre o sequenciamento. O mapeamento de genomas tinha se tornado trivial. Era comum a mídia noticiar que o genoma de organismo tal foi “decifrado”. Em setembro de 2005, a própria CH noticiou o sequenciamento do genoma de três organismos de uma vez, em “*Decifrando o genoma de três parasitos*” (nº 219, vol.37), de Ana Paula C.A. Lima. Outros assuntos em Genética e Biologia Molecular ganhavam espaço na revista, como computadores de DNA (“Computador de DNA”, nº 206 vol. 35), na entrevista a Ehud Shapiro , ou os pequenos RNAs (“*Pequenos RNAs, um mundo novo e revolucionário*”, nº 206 vol. 35), de Maité V. S. Silva, ambos em junho de 2004.

A entrevista com André Goffeau, importante cientista no campo da biotecnologia, teve por foco a conduta de cientistas para defender projetos como PGH, ou outros empreendimentos em biologia moderna (ficha XVI). Seu artigo discute o desinteresse de investimentos em pesquisa de base. Priorizam-se estudos aplicados, assim como investigações científicas em assuntos que estão na “moda” em ciência, a exemplo do genoma. Para que algumas linhas de menor apelo tenham sucesso, há a necessidade de ir contra a ética e manipular informações.

**Ficha XVI:****FICHA PARA AVALIAÇÃO DOS ARTIGOS DA CIÊNCIA HOJE****I – IDENTIFICAÇÃO:**

Nº:202            MÊS/ANO:mar /2004            VOL.:34            PÁGINA:8-10

**COLUNA:** Entrevista

**AUTOR:** Fred Furtado, André Goffeau

**TÍTULO DA MATÉRIA:** As modas da ciência

**ÊNFASE NO PGH:** Conduta em Ciência

**II- DESCRIÇÃO DA MATÉRIA:**

Esta matéria consiste em uma entrevista com o biólogo belga André Goffeau, um dos responsáveis pelo estímulo de programas de pesquisa biotecnológica na Europa e no Brasil. Por mais que o título não sugira a ideia, a maioria das perguntas e respostas estão centradas em pesquisas do tipo do Projeto Genoma Humano (PGH), e como o desenvolvimento de pesquisas biotecnológicas tem o poder de gerar muitas expectativas que não se concretizam totalmente. Muitos conhecimentos em biotecnologia ocorreram, porém, poucos produtos práticos foram gerados. Em termos financeiros, considerando-se a tecnologia do DNA, aqueles que desenvolvem os produtos necessários para as técnicas foram os que mais se beneficiaram.

Goffeau, em suas respostas, traça um panorama das pesquisas científicas atuais. Critica o domínio econômico das pesquisas científicas, onde pesquisa de base tem pouco espaço em meio à ciência aplicada, obrigando pesquisadores a submeter suas pesquisas em uma temática atual, como a genômica, para conseguir financiamento. Mas o entrevistado destaca seu ponto de vista favorável ao reconhecimento de pesquisa de base como de grande importância, necessitando o status de essencial. Ele também traz o quadro ao Brasil, onde destaca uma boa atuação na área da genômica, a exemplo do sequenciamento do patógeno vegetal *Xylella fastidiosa*, que trouxe prestígio à pesquisadores brasileiros na área.

O entrevistado deixa claro que os frutos do PGH ainda demorarão muitos anos para amadurecer. Que isso ainda demanda muito estudo, e ultrapassar muitos empecilhos, que, dentre os mais notórios, encontra-se a burocracia e o sistema de patentes.

Esta matéria traz uma visão sem devaneios da pesquisa científica. André Goffeau mostra em suas respostas que não há neutralidade em ciência, e que há muitos interesses econômicos e de mercado em seus produtos, e as regras da política mundial refletem em um direcionamento de enfoques no desenvolvimento de pesquisa científica. De forma similar, John Sulston, químico britânico laureado com o Nobel de Medicina pelo seu trabalho com o *C. elegans*, e colaborador do PGH, também responde a uma entrevista (ficha XVII). Este apresentou o quadro da pesquisa científica em biotecnologia no momento, mostrando os principais responsáveis por expectativas equivocadas expostas pela pesquisa privada.

**Ficha XVII:****FICHA PARA AVALIAÇÃO DOS ARTIGOS DA CIÊNCIA HOJE****I – IDENTIFICAÇÃO:**

Nº:208

MÊS/ANO:set /2004

VOL.:35

PÁGINA:08-11

**COLUNA:** Entrevista**AUTOR:** Fred Furtado/ John Sulston**TÍTULO DA MATÉRIA:** Ética e Genética**ÊNFASE NO PGH:** Conduta em Ciência**II- DESCRIÇÃO DA MATÉRIA:**

Em entrevista à CH, John Sulston, pesquisador chefe da parte britânica do PGH, traz em discussão o quadro da pesquisa científica em biotecnologia. Em suas respostas, desmistifica interpretações de uma ciência neutra, apresentando um “mercado científico”, onde as principais investigações e focos de financiamento se dão em pesquisa aplicada, que tenham algum retorno financeiro.

Sulston denuncia a rivalidade do PGH com a *Celera*, responsabilizando a última pela promoção equivocada do sequenciamento do genoma como a solução para todas as doenças genéticas. Apresenta um cenário de disputa por patente de diversos genes do genoma, mesmo sem que se conheçam as funções biológicas do resultado de sua expressão, em uma situação similar ao loteamento de terras desconhecidas, ocorrida na Corrida do Ouro, nos Estados Unidos. Deixa clara sua posição contrária ao patenteamento, sendo a tecnologia, e não o gene, alvo legítimo para essa ação.

Em sua argumentação, Sulston mostra que o fator financeiro influencia expressivamente a pesquisa científica, sem isenções a quaisquer áreas. Denuncia a tendência competitiva capitalista como responsável por maiores pesquisas em comodidade, e lucro, para alguns, que produzir conhecimento para tratar de males existentes que atingem a muitos. A pesquisa sobre antidepressivos traz mais interesse a laboratórios que investigação à cura de males como a malária e doença de chagas, “males do terceiro mundo”, focando um público alvo com condições financeiras de investir massivamente em uma vida mais confortável. Exemplo disso é a proporção de investimento dos grandes laboratórios em marketing, pelo menos 4 vezes maior que na pesquisa em si.

No decorrer de suas respostas, discorre assuntos como discriminação genética, pesquisa com células-tronco e clonagem. Nota-se a clara necessidade de se encarar a pesquisa científica, neste caso, a pesquisa biotecnológica, como fator de grande impacto social, tanto atual quanto em potencial. Sulston afirma que a legislação deve acompanhar o avanço das pesquisas científicas, assim como os acordos internacionais devem focalizar se adaptar a esta realidade, limitando tendências de competição decorrentes de um quadro geopolítico de competitividade entre laboratórios e países, o que chama de “tragédia das nações”. Ele defende que o fator a limitar pesquisas não seja argumentos fundamentados em crenças dogmáticas religiosas, como a influência de protestantes contra a pesquisa com células-tronco embrionárias, e sim perspectivas destas a suas futuras “vítimas” / beneficiados.

Sulston reforça a necessidade de uma integração maior entre as entidades governamentais e a comunidade científica. Em um mundo em grande transformação, onde a ciência influencia cada vez mais decisões de caráter social e político, é necessária uma

comunicação eficiente entre políticos e cientistas, a fim de evitar interpretações nebulosas, reforçadas por crenças e preconceitos travestidos de informação científica.

Em outubro de 2004, a CH apresenta uma tecnologia essencial para a genômica, a Bioinformática. Neste artigo, os autores discutem tanto tecnologia genômica, quanto história e crítica de ciência (ficha XVIII).

**Ficha XVIII:****FICHA PARA AVALIAÇÃO DOS ARTIGOS DA CIÊNCIA HOJE****I – IDENTIFICAÇÃO:**

Nº:209

MÊS/ANO:out /2004

VOL.:35

PÁGINA:54-57

**COLUNA:** Opinião**AUTOR:** Francisco Prosdocimi, Fabrício R. Santos**TÍTULO DA MATÉRIA:** Sobre bioinformática, genoma e ciência**ÊNFASE NO PGH:** Tecnologia para o PGH, Bioinformática.**II- DESCRIÇÃO DA MATÉRIA:**

Em um artigo de fácil compreensão, Prosdocimi e Santos apresentam uma das principais ferramentas em um momento onde a informação genética humana é revelada em um sem número de genes sequenciados e armazenados em bancos de dados como o *GenBank* norte-americano. Apresentando dados sobre o crescimento das informações desses bancos de dados desde a década de 90, principalmente a partir de 1995, além do resultado do sequenciamento dos genomas de organismos como a *Xylela fastidiosa* (realizada por brasileiros), os autores deixam clara a necessidade de uma ferramenta que possa auxiliar na análise desta gama de informações.

Em seu discurso, os autores apontam reflexões como o fato de ainda vivermos uma “era da anatomia molecular”. Epistemologicamente, a genômica é uma ciência descritiva, assim como a taxonomia e a anatomia. Porém, assim como a anatomia humana precedeu estudos fisiológicos sobre o funcionamento sistêmico do corpo, a *anatomia molecular* vem preceder estudos mais complexos sobre o funcionamento sistêmico da célula.

E para essa área do saber, o desenvolvimento da bioinformática se torna uma grande contribuição. Os autores definem sucintamente seu conceito para esse termo, assim como os três princípios paradigmáticos que metaforicamente chamam de “tijolo”, “peneira” e “lupa”. A utilização dessas se dá pela função destes paradigmas: o uso da bioinformática para analisar e interpretar de forma global os genomas (“tijolo”); a separação de sequências envolvidas em metabolismos (por exemplo, metabolismo de açúcares) específicos para um estudo (“peneira”) e o estudo investigativo das informações genômicas; e formulação de hipóteses, analisadas e testadas *in silico* (pelo computador) utilizando as ferramentas estatísticas e matemáticas que a informática permite (“lupa”).

O artigo de Prosdocimi e Santos mostra a importância da tecnologia acessória às áreas científicas. O mundo microscópico tornou-se cada vez mais visível com o advento de novos microscópios, cada vez mais eficientes. Da mesma forma, a genômica só consegue dar conta da análise de tamanha quantidade de dados em seu objeto de estudo graças à perícia de uma ferramenta informacional.

A matéria intitulada “*O ponto X do sexo*” caracteriza o último artigo a noticiar um fato relacionado ao PGH, através da CH. Em um artigo pequeno, Sandro Sousa traz um tipo de

texto semelhante às publicações sobre sequenciamentos de cromossomos do genoma publicados na década de 90. Porém uma diferença marcante é o enfoque de seu texto. Não há discursos acerca de cura de doenças, sendo mais uma apresentação de qual informação o cromossomo X guarda (ficha XIX).

**Ficha XIX:**

**FICHA PARA AVALIAÇÃO DOS ARTIGOS DA CIÊNCIA HOJE**

**I – IDENTIFICAÇÃO:**

**Nº:**215      **MÊS/ANO:**mai /2005      **VOL.:**36      **PÁGINA:**11-12

**COLUNA:** Mundo de Ciência

**AUTOR:** Sandro José de Sousa

**TÍTULO DA MATÉRIA:** O ponto X do sexo

**ÊNFASE NO PGH:** Divulgação do andamento do PGH, sequenciamento completo do cromossomo X.

**II- DESCRIÇÃO DA MATÉRIA:**

O sequenciamento do cromossomo X, um dos maiores cromossomos do genoma humano, é assunto principal deste artigo. Com um texto simples, lúdico e informativo, Sousa apresenta o cromossomo sexual, sua importância e posição no nosso genoma, e o pano de fundo da compilação de sua sequência através do consórcio internacional (International Human Genome Sequencing Consortium) para o genoma.

O autor segue seu texto apresentando informações básicas à genética celular, como a quantidade de cromossomos, quais são autossômicos (e o que é isso), e quais são sexuais, relacionando-os aos gametas. Apresenta algumas características muito próprias deste, como o predomínio do silenciamento de um dos alelos presentes em quem tem dois cromossomos X (as mulheres). A evolução deste cromossomo também é tratada, onde com comparação a outros vertebrados, o autor reforça hipóteses como uma origem autossômica para o cromossomo X, quando seu papel na determinação do sexo é comparado ao de outros grupos, como o das aves (no caso deste artigo, a galinha). Sua filogenia também reforça um maior parentesco entre o homem e os roedores em relação aos cães, já apresentada em outros trabalhos de cunho filogenético. Também apresenta patologias congênitas relacionadas ao cromossomo, além de apresentar potencialidades que seu sequenciamento suscita.

Este artigo exemplifica o real entendimento dos limites do mapeamento genômico, que já era de conhecimento pela comunidade científica e por leigos informados. Considerando que a publicidade salvacionista do PGH, por anos defendida, como contribuição a iminentes terapias genéticas ou cura de doenças não possuía mais efeito, este artigo é especial por trazer informações mais precisas sobre o sequenciamento completo do genoma. Revela (com

pequeno erro de digitação) que apenas 95% do genoma eram conhecidos, porém não sequenciados, quando foi publicado o rascunho do genoma em 2001. Sendo o cromossomo X considerado muito importante e de grande destaque quando se discute cromossomos em genética, possivelmente esse foi o fato que trouxe novamente o tema sequenciamento em um artigo próprio.

Após este momento pode-se considerar que o genoma se tornou um tema do passado. Assim como o Projeto Manhattan, que trouxe grande impacto à física nuclear, o PGH teve sua marca em conceitos clássicos da genética, como a visão tradicional de gene. Ambos geraram um efeito tão radical à área em que pertencem que rapidamente se tornaram conteúdos básicos. O primeiro, após a Segunda Grande Guerra tornou-se um fato passado, eventualmente lembrado em momentos específicos. É possível que o mesmo ocorra com o PGH.

O próximo artigo, de Paulo Amaral e Helder Nakaya (2006), foi o último selecionado na investigação (ficha XX). Ele exemplifica o raciocínio descrito no parágrafo anterior. Observa-se que o genoma é a base para sua interpretação, apresentado de forma comum, como referencial teórico para entender o escopo da discussão que trazem, sobre o “DNA – lixo”. Neste artigo, resultados da genômica têm destaque apenas em caráter de ilustração, em um quadro comparativo de genoma de organismos, onde nós, quantitativamente, não somos muito diferentes de peixes, vermes ou protozoários.

**Ficha XX:****FICHA PARA AVALIAÇÃO DOS ARTIGOS DA CIÊNCIA HOJE****I – IDENTIFICAÇÃO:**

**Nº:**288      **MÊS/ANO:** jul /2006      **VOL.:**38      **PÁGINA:**36-42

**COLUNA:** “Biologia”

**AUTOR:** Paulo de Paiva Rosa Amaral e Helder Imoto Nakaya

**TÍTULO DA MATÉRIA:** DNA Não-Codificador: o lixo que vale ouro

**ÊNFASE NO PGH:** Pós-Genômica, Genômica comparada, “DNA-Lixo”.

**II- DESCRIÇÃO DA MATÉRIA:**

Este artigo não trata diretamente do PGH, porém trata de um resultado direto do conhecimento obtido nesse projeto: uma visão global do genoma, permitindo a comparação da espécie humana com diversos organismos. Apresenta-se, mais uma vez, a complexidade observada nos genomas dos organismos, onde constatamos pouca diferença entre a quantidade de genes de um protozoário como o *Trypanosoma cruzi*, e a de vertebrados como o fugu (*Takifugu rubripes*), camundongo (*Mus musculus*) e o homem (*Homo sapiens*). O artigo apresenta ao leitor o mundo dos *non-protein-coding DNA* (ncDNA) e sua participação na transcrição do DNA.

Em um artigo bastante informativo, os autores discutem o porquê da existência de tanto “lixo” no DNA, através de uma apresentação moderna e ilustrada do processo de transcrição e tradução. A moderna Biologia Molecular se mostra uma complexa rede de interação, com a participação de RNAs não codificantes (ncRNA) e a descoberta de funções celulares de regulação que diminuem cada vez mais a porção com título de lixo no DNA. Todas essas descobertas tornam o clássico Dogma Central da Biologia Molecular muitíssimo mais complexo que o esquema original, acrescentando muito mais *atores* do tipo RNA no palco da regulação da informação genética a nível intracelular.

Amaral e Nakaya terminam seu artigo apresentando transformações conceituais na área da Genética, decorrentes desse conhecimento dos intricados mecanismos de regulação de atividade gênica através dos diferentes RNAs, junto da descoberta dos ncDNA. Todos os estudos realizados no campo da Biologia Molecular nas últimas décadas, tanto na área da genômica, quanto estudos da regulação gênica vem quebrando conceitos paradigmas. Esses estudos trazem uma grande transformação ao saber científico, contribuindo cada vez mais para a elucidação de nossa complexidade biológica.

Este artigo indica o cenário em que o tema PGH se encontrava no decorrer da segunda metade desta década. Em meio a uma miscelânea de fatos científicos noticiados pela CH, o sequenciamento já não configurava mais um assunto a merecer grande destaque, tendência a se notar nos artigos após 2003. Tanto o artigo de Goffeau quanto o de Sulston, em 2004, já caracterizavam o PGH como um fato histórico consumado, por mais que muitos de seus

frutos ainda não tenham sido alcançados. Após o furor ocorrido por volta do ano 2000, pode-se observar esse entusiasmo se esvaír mediante a elucidação coletiva dos limites do resultado do Projeto Genoma no decorrer dos próximos anos. A divulgação do sequenciamento do cromossomo X marcava um iminente fim ao mapeamento completo compreendido pelo PGH. O que viera depois não teve muito destaque. O PGH não era mais notícia.

## 7. CONCLUSÃO

No decorrer de um pouco mais de duas décadas, o Projeto Genoma Humano (PGH) se mostrou um dos ícones de avanço científico e tecnológico, trazendo à sociedade esperanças de uma revolução sem precedentes na história das ciências médicas e biológicas. Segundo Leite (2006) a genômica, a *ciência do futuro*, tem essas expectativas lançadas a um futuro indeterminado, que não chegou em 2001, não chegou na conclusão do PGH e do sequenciamento, mas que certamente irá chegar, segundo seus arautos.

Conclui-se que a revista Ciência Hoje (CH) cumpriu seu papel em divulgar o PGH, porém é notória a transformação da abordagem do projeto no decorrer das décadas estudadas. Claramente abordado em 20 artigos, de dezembro de 1984 a dezembro de 2010, o PGH foi notícia recorrente, sendo eventualmente citado em artigos com outras abordagens, principalmente após a consolidação das tecnologias de sequenciamento, onde o genoma de diversas espécies ganhou bancos de dados, em um crescente esforço de descrição biológica. De forma similar aos taxonomistas e sistematas que caracterizam uma espécie pela sua morfologia, agora o genoma tem seus caracteres identificados. Após a divulgação do rascunho do genoma, centenas de organismos ganharam seus mapas gênicos, alguns divulgados sob o título de “*decifrado o genoma de*” tal organismo, em artigos frequentes na CH. Para esse tipo de descrição, microscópios e lupas se mostram inúteis, a tecnologia molecular é essencial, e esta é uma das claras contribuições do Projeto Genoma à ciência. No entanto, pouco divulga-se essa contribuição da tecnologia genômica uma área clássica da biologia, a Biologia Comparada, uma vez que não possui impacto em ciências biomédicas, por mais que sejam informações de grande importância em suas classificações, cada vez mais alimentadas com dados moleculares. Sutilmente, uma nova classe de sistematas vem crescendo na comunidade científica, sem necessidade de matar um organismo para efetivar seus estudos.

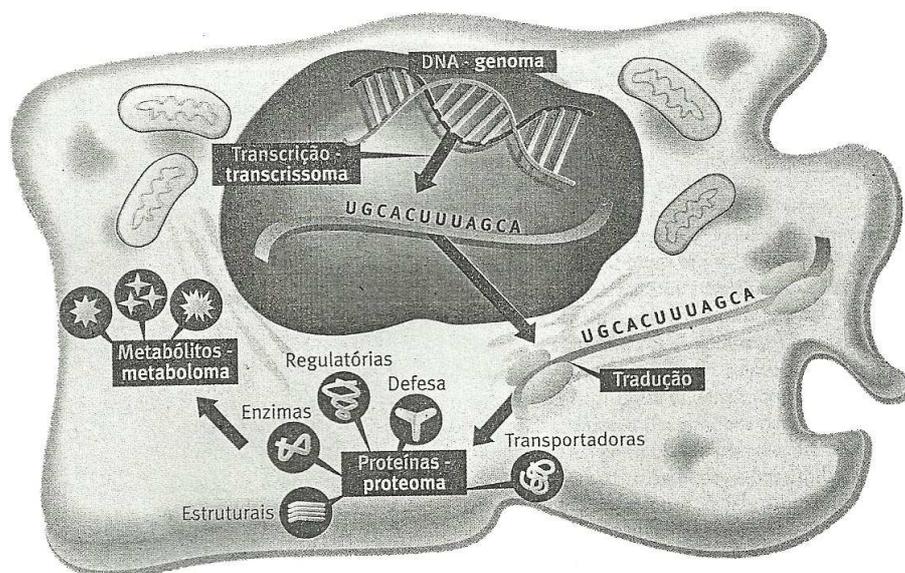
Cumprindo sua missão de trazer ao público atualidades no universo da pesquisa científica, houve uma grande cobertura ao PGH na CH, expressa desde antes desse ocorrer. Ainda como uma simples ideia, a reportagem de um encontro de Biologia Molecular, em 1987, marcou o início do sequenciamento genômico como notícia. A década de 90 deteve a maioria dos 20 artigos supracitados, onde foram expressas todas as esperanças em relação ao projeto, e lançadas as perspectivas que iriam acompanhá-lo por quase uma década, como um genoma composto de 100 mil genes. É notória também a abordagem desse genoma como base de dados a trazer uma tecnologia revolucionária de terapia gênica. Na primeira metade desta década, vários pesquisadores convidados a argumentar na CH alimentavam esperanças desta

terapia como uma panacéia aos problemas genéticos, assim como inflaram as possibilidades do genoma, em um discurso de otimismo e pouca conexão com as reais contribuições do sequenciamento. Algumas extrapolações vinham ao lado de argumentos e interpretações equivocados, como a possibilidade da existência de genes da agressividade, a serem levados em conta em um futuro pós genômico em que as ciências sociais e jurídicas deveriam considerar essas informações para decisões futuras.

Esse discurso perdeu força no decorrer da segunda metade da década de 90, onde mais uma vez acompanhando novidades na pesquisa científica, a CH traz em um artigo de Eloi Garcia a visão de que a genômica não traria as respostas, e sim mais perguntas, quanto a elucidação molecular do sistema de funcionamento das células e organismos, seu metabolismo e respostas ao meio. Nas suas palavras, somos apresentados em 1998 à “proteína genômica”, a proteômica, marcando o início do surgimento de *omas*.

Nota-se que os redatores convidados se mostram mais informados nesse final de milênio, ano 2000. Estes trazem informações mais concisas, com perspectivas mais verossímeis à tecnologia e pesquisa do genoma, apesar de ainda trazerem alguns equívocos e uma redação que traga má interpretação de gênese do genoma. Destaque ao artigo de Mayana Zatz, em 2000, onde seu discurso leva a uma interpretação do genoma como a causa de patologias, em sua correlação *gene* → *doença*. Possivelmente o costume de relacionar genes a doenças, comum até na educação básica, onde vários exemplos em genética são de morbidades atreladas a genes (*o gene da hemofilia, o gene da anemia falciforme, o gene do daltonismo, dentre outros*) pode ser motivo ao vício observado em seu discurso. Um determinismo que também deve ser combatido, uma vez que induz à população leiga a consolidar uma visão reduzida e errada sobre os genes como a origem de todas as doenças .

O proteoma ganhou destaque no início do novo milênio. Após a publicação do rascunho do genoma, com relutância, a concepção de um genoma menor, com muito menos genes que o esperado (entre 26 a 40 mil genes) trazia força a um claro problema, uma vez que a antiga previsão de 100 mil genes se explicava na diversidade protéica observada no homem. O tema proteoma vem como o futuro do genoma, para responder novas questões trazidas pelos resultados do sequenciamento. Adriano Pimenta (2003) apresenta um artigo definitivo sobre a necessidade desse tipo de estudo, trazendo não apenas o proteoma como uma área que carece estudos, como outros campos a responderem questões fora do limite da proteômica, outros *omas*, como o *transcriptoma* (em seu texto *transcrissoma*) e *metaboloma*, reproduzindo-o em um esquema simples e didático (figura 4).



**Figura. 4.** – Ilustração esquemática das informações genéticas em uma célula: à medida que os estudos celulares avançam, aumenta-se sua complexidade molecular (PIMENTA, 2003).

Os frutos do PGH também fizeram emergir estudos reducionistas em biologia molecular, como a nova proposta de classificação do gênero *Homo*, onde em uma comparação de similaridade entre *Homo sapiens* (homem) e *Pan troglodytes* (chimpanzé), os 99,1% de semelhança já configurariam condições para considerar o segundo em nosso gênero. Rumjanek traz essa notícia em 2003 criticando esse tipo de trabalho, apresentando um papel da CH de não apenas divulgar notícias científicas, mas também apresentar a fraqueza dessas, quando fundadas em uma pobre interpretação. No caso do artigo, reduzia-se a biologia de um organismo a sua informação genômica, ignorando fenótipo e história evolutiva.

Após a divulgação da Biologia Molecular pós-genômica, *proteoma* e outros *omas*, o PGH não era assunto de notícias, sendo eventualmente citado em algum artigo que divulgava sequenciamento de um organismo. Sendo assunto apenas de entrevistas com personalidades que participaram do projeto, convidadas a responder questões da Ciência Hoje, o último artigo a tratar realmente do PGH como uma notícia foi o que divulgava a conclusão do sequenciamento do cromossomo X, utilizando um discurso distinto da década de 90. Em um momento em que se finalizava o mapeamento dos últimos cromossomos do genoma (HUMAN GENOME PROGRAM, 2011), esta matéria reporta o fato em um informativo artigo de curiosidades. Os limites da genômica já eram conhecidos dos leitores da CH e da comunidade científica especializada. Sandro Sousa (2005) nos despede do Projeto Genoma com um texto que se sustentava bem à luz deste contexto, isento de perspectivas a essa

informação. Após esse artigo o sequenciamento não tinha mais destaque. Em 2006, Amaral e Nakaya consolidam os aspectos da Era Pós-genômica, discutindo seu tema principal, o “DNA - Lixo”. Os resultados do sequenciamento do genoma humano ilustram e embasam conteúdos abordados, como conhecimento feito, assim como a mecânica quântica embasa o laser presente em emissores portáteis.

A abordagem do PGH através da CH acompanhou as expectativas fantásticas que o mundo cultivava acerca do projeto. Notou-se grande euforia no início do projeto, onde autores como Muniz e Massarani apresentavam fatos e números, imersos em uma névoa de excitação. Essa exaltação, imensa como as casas decimais dos valores apresentados, difundia uma ideia do sequenciamento como o marco entre a biologia de estudos restritos e pontuais do século XX e a nova biologia do século XXI, holista, capaz de analisar o indivíduo por inteiro através de seu mapa gênico. Perspectivas exacerbadas traziam no mapa completo do genoma a resposta para todas as perguntas celulares. A panacéia se tornaria real, sob a forma da terapia gênica, a trazer a cura para vários males de origem genética, e um tratamento personalizado às doenças. Dentre as questões éticas que a revelação do “livro da vida” viria a trazer para a população, vislumbrava-se uma sociedade tecnocrática, onde as respostas científicas traçariam o desenvolvimento social, influenciando as decisões deste futuro onírico de ficção científica. Esse delírio lisérgico paulatinamente perdeu força junto às elucidações que acompanhavam o resultado do sequenciamento. Realmente ainda demandarão muitos anos, décadas, séculos, até que o que se esperou responder com o genoma torne-se informação palpável a ajudar a responder questões complexas de uma perspectiva holista e completa do funcionamento de nosso corpo. A questão de James Watson, “*o que é ser humano?*” (LEITE, 2006) talvez não seja respondida nem pelo proteoma, transcriptoma, metaboloma, interatoma, reguloma, epigenoma, ou qualquer outro descendente do genoma. A era pós-genômica caracterizava-se pela conscientização de um cenário de maior complexidade do que se esperava quanto aos mecanismos celulares de informação gênica e regulação de sua expressão. A biologia molecular desenvolvia novos eixos temáticos, com muito a se explorar, sem previsão de conclusão. Outras pesquisas e questões se tornavam mais atraentes e emergentes perante os acontecimentos do fim desta primeira década do século XXI. A estrutura do genoma tornou-se assunto básico da biologia moderna, sem a atração que despertava na década de noventa. O PGH deixou de ser notícia para a revista *Ciência Hoje*, que necessitava a continuar sua missão em trazer novidades científicas em suas publicações. O genoma se diluíra em meio a outros fatos científicos.

## REFERÊNCIAS

- ADAMS, D. A. *et al.* *The Genome Sequence of Drosophila melanogaster*. **Science**, Nova Iorque, v. 287, n. 5461, p.2185-2195, 24 mar. 2000.
- AFONSO, E. G. M.. **A divulgação científica para o grande público**. 2008. 132 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Fernando Pessoa, Porto, 2008.
- ALBAGLI, S.. *Divulgação científica: informação científica para a cidadania?* **Ciência da Informação**, Brasília, v. 25, n. 3, p.396-484, set-dez. 1996.
- ALMEIDA, C. A. S.; MOREIRA, M. A. M.; ROITMAN, S.. *Cromossomo Y*. **Revista Ciência Hoje**, Rio de Janeiro, v. 15, n. 87, p.52-57, jan/fev. 1993.
- ALVETTI, M. A. S.. **Ensino de física moderna e contemporânea e a revista Ciência Hoje**. 1999. 169 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Mestrado Em Educação, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, 1999.
- AMARAL, P. P. R.; NAKAYA, H. I.. *DNA Não-Codificador: o lixo que vale ouro*. **Revista Ciência Hoje**, Rio de Janeiro, v. 38, n. 228, p.36-42, jul. 2006.
- AULER, D.; DELIZOICOV, D.. *Alfabetização científico-tecnológica para quê? Ensaio ? Pesquisa em Educação em Ciências*, Belo Horizonte, v. 3, n. 1, p.105-116, jun. 2001.
- BACHELARD, G.. **A Formação do Espírito Científico**. (1938). 2ª reimpressão, Rio de Janeiro: Editora Contraponto, 1999.
- BARROS, J. A. C.. *Pensando o processo saúde doença: a que responde o modelo biomédico*. **Saúde e Sociedade**, São Paulo, v. 11, n. 1, p.67-84, jan-jun. 2002.
- BELIZÁRIO, J. E.. *Proteoma: o desafio tecnológico do século 21*. **Revista Ciência Hoje**, Rio de Janeiro, v. 27, n. 162, p.78-81, jul. 2000.
- BUENO, S.. **Dicionário Global Escolar da Língua Portuguesa**. 2ª edição São Paulo: Ed. Global, 2007. 778 p.
- CAPOZOLI, U.. *Genoma Humano. Analfabetismo científico na mídia*. In: **Portal do Jornalismo Científico**. 2004. Disponível em: <[http://www.comunicacaoempresarial.com.br/comunicacaoempresarial/artigos/jornalismo\\_cientifico/artigo5.php](http://www.comunicacaoempresarial.com.br/comunicacaoempresarial/artigos/jornalismo_cientifico/artigo5.php)>. Acesso em: 25 mar. 2011.
- CAPRA, F.. **O Ponto de Mutação**. (1982). 26ª reimpressão São Paulo: Editora Cultrix, 2006.

CARVALHO NETO, M. B. *et al.* *O projeto genoma humano e os perigos do determinismo reducionista biológico na explicação do comportamento: uma análise behaviorista radical.* **Revista Brasileira de Terapia Comportamental e Cognitiva**, São Paulo, v. 5, n. 1, p.41-56, jun. 2003.

CARVALHO-NETO, M. B.; MENEZES, A. B.. *Determinismo Reducionista Biológico e a Explicação do Comportamento.* **Com Ciência**: Revista Eletrônica de Jornalismo Científico, Campinas, n. 89, 10 jul. 2007. Disponível em: <<http://www.comciencia.br/comciencia/?section=8&edicao=26&id=294>>. Acesso em: 11 ago. 2010.

CHASSOT, A.. **Alfabetização científica: questões e desafios para a educação.** Ijuí: Unijuí, 2000. 432 p.

CHASSOT, A.. *Alfabetização científica: uma possibilidade para a inclusão social.* **Revista Brasileira de Educação**, Rio de Janeiro, n. 22, p.89-100, jan-abr 2003.

CIÊNCIA HOJE. *Como enfrentar os problemas éticos do Projeto Genoma Humano?* **Revista Ciência Hoje**, Rio de Janeiro, v. 17, n. 99, p.31-35, abr. 1994.

CIÊNCIA HOJE. *O primeiro mapa do genoma.* **Revista Ciência Hoje**, Rio de Janeiro, v. 17, n. 99, p.50-51, abr. 1994.

CORBISIER, R.. **Introdução à Filosofia, Tomo II.** Rio de Janeiro: Ed. Civilização Brasileira, 1994.

CORRÊA, M. V.. *O Admirável Projeto Genoma Humano.* **Physis: Revista de Saúde Coletiva**, Rio de Janeiro, v. 12, n. 2, p.277-299, 2002.

COSTA, V. R.. *As promessas e os riscos.* **Revista Ciência Hoje**, Rio de Janeiro, v. 28, n. 166, p.28-35, nov. 2000-a.

COSTA, V. R.. *Genoma decifrado, trabalho dobrado.* **Revista Ciência Hoje**, Rio de Janeiro, v. 28, n. 166, p.22-27, nov. 2000-b.

CRUZ, A. S.; BARBOSA, B.. *Benefícios só para os filhos de nossos filhos.* **Veja**, São Paulo, v. 24, n. 1656, p.118-120, 05 jul. 2000.

CUNHA, W. H. A.. *Introdução ao desenvolvimento histórico e aos princípios básicos da etologia.* **Anais do I Encontro Paulista de Etologia**, Jaboticabal, n. , p.1-33, 1983.

CUSTÓDIO, J. F.; PIETROCOLA, M.. *Princípios nas ciências empíricas e o seu tratamento em livros didáticos. Ciência & Educação (bauru)*, Bauru, v. 10, n. 3, p.383-399, set-dez. 2004.

ESTEVES, F. *et al.* (Org.). **Grandes Temas em Biologia**. Rio de Janeiro: Consórcio Cederj, 2004.

FREIRE, P.. **Pedagogia da Autonomia: Saberes necessários à prática educativa**. 33ª edição São Paulo: Ed. Paz e Terra, 1996. 152 p.

GALIETA, T.. **Leituras de divulgação científica na formação inicial de professores de ciências**. 2008. 376 f. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, 2008.

GALLER, R.. *Decifrando os genes humanos*. **Revista Ciência Hoje**, Rio de Janeiro, v. 5, n. 29, p.16-17, mar. 1987.

GARCIA, E. S.. *O passo seguinte do genoma*. **Revista Ciência Hoje**, Rio de Janeiro, v. 24, n. 144, p.50-51, nov. 1998.

GILBERT, W. *Rumo ao Proteoma*. **Revista Ciência Hoje**, Rio de Janeiro, v. 29, n. 173, p.8-11, jul. 2001. Entrevista concedida a Bernardo Esteves.

GOFFEAU, A.. *As modas da ciência*. **Revista Ciência Hoje**, Rio de Janeiro, v. 34, n. 202, p.8-10, mar. 2004. Entrevista concedida a Ferd Furtado.

GOLDBACH, T.. **Entre receitas, programas e códigos: a idéia de gene em diferentes contextos**. 2006. 278 f. Tese (Doutorado) - Instituto Alberto Luiz Coimbra de Pós-graduação e Pesquisa de Engenharia - COPPE/UFRJ, Rio de Janeiro, 2006.

GOLDBACH, T.; EL-HANI, C. N.. *Entre Receitas, Programas e Códigos: Metáforas e Idéias Sobre Genes na Divulgação Científica e no Contexto Escolar*. **Alexandria: Revista de Educação em Ciência e Tecnologia**, Santa Catarina, v. 1, n. 1, p.153-189, mar. 2008.

GOLDBACH, T.; Da POIAN, A. T.; GOMES, M. C.. *Revistas de Divulgação Científica: Concepções Sobre os Temas Alimentação - Metabolismo Energético*. **Anais do VI Encontro de Pesquisa em Ensino de Ciências - Enpec**, Florianópolis, 2007.

GREEN, R. E. *et al.*. *A Draft Sequence of the Neandertal Genome*. **Science**, Nova Iorque, v. 328, n. 5979, p.710-722, 7 mai. 2010.

GUIMARÃES FILHO, A. P.. *A Pré-História Hoje*. **Revista Ciência Hoje**, Rio de Janeiro, v. 14, n. 82, p.40, jul. 1992.

HERNANDO, M. C.. *Divulgação científica: um grande desafio para este século*. **Ciência e Cultura**, Campinas, v. 52, n. 2, p.18-20, 2005. Entrevista concedida a Luisa Massarani e Ildeu de Castro Moreira.

HOHLFELDT, A.; MARTINO, L. C.; FRANÇA, V. V.. **Teorias da Comunicação, Conceitos, escolas e tendências**. (2001). 9ª Edição, Petrópolis: Ed. Vozes, 2010.

HUMAN GENOME PROGRAM (Estados Unidos). Departamento de Energia (escritório de Ciência). **Human Genome Project Information**. Disponível em: <[http://www.ornl.gov/sci/techresources/Human\\_Genome/home.shtml](http://www.ornl.gov/sci/techresources/Human_Genome/home.shtml)>. Acesso em: 11 out. 2011.

INESTROSA, N.. *Novos rumos contra o Mal de Alzheimer*. **Revista Ciência Hoje**, Rio de Janeiro, v. 28, n. 167, p.6-10, dez. 2000. Entrevista concedida a Sérgio Ferreira, Débora Foguel, Jerson Silva, Fernando Mello e Ricardo Menandro.

INSTITUTO CIÊNCIA HOJE. **Estatuto social do Instituto Ciência Hoje**. Publicado em 26 de novembro de 2007. Disponível em: <<http://cienciahoje.uol.com.br/sobre/estatuto-social-do-instituto-ciencia-hoje/?searchterm=Estatuto%20Social%20Ci%C3%Aancia%20Hoje>>. Acesso em: 22 maio 2011.

INTERNATIONAL HUMAN GENOME SEQUENCING CONSORTIUM. *The Sequence of the Human Genome*. **Nature**, Londres, v. 409, p.860-921, 15 fev. 2001.

IVANISSEVICH, A.. *A missão de divulgar ciência no Brasil*. **Ciência e Cultura**, São Paulo, v. 61, n. 1, p.4-5, 2009.

JAPIASSÚ, H.. *O Racionalismo Cartesiano*. In: REZENDE, A.. **Curso de Filosofia para Professores e Alunos dos cursos de Segundo Grau e Graduação**. 12ª edição, Rio de Janeiro: Ed. Jorge Zahar, 2004. Cap. 5.

JAPIASSÚ, H.; MARCONDES, D.. **Dicionário Básico de Filosofia**. 3ª edição, Rio de Janeiro: Ed. Jorge Zahar, 2001.

KUHN, T. S.. *Logic of Discovery or Psychology of Research?* In: LAKATOS, I.; MUSGRAVE, A.. **Criticism and the growth of knowledge**. 1ª Edição Cambridge: Cambridge University Press, 1970. Cap. 1.

KUHN, T. S.. **A Estrutura das Revoluções Científicas**. (1962). 9ª edição, São Paulo: Ed. Perspectiva, 2005.

KUHN, T. S.. **O caminho desde a estrutura: ensaios filosóficos.** (2000). São Paulo: Ed. Unesp, 2006.

LECAS, J. C.. *Behaviourism and the mechanization of the mind.* **Comptes Rendus Biologies**, Paris, v. 29, n. 5-6, p.386-397, jun. 2006.

LEITE, M.. **As Promessas do Genoma.** 1ª Edição, São Paulo: Unesp, 2006.

LIBÂNEO, J. C.. *Tendências pedagógicas na prática escolar.* **Revista da Associação Nacional de Educação**, Brasil, v. 3, n. 6, p.11-19, 1983.

LIMA, G.. *Sociologia na complexidade.* **Sociologias**, Porto Alegre, n. 15, p.136-181, jan-jun. 2006.

MARDIS, E. R.. *The impact of next-generation sequencing technology on genetics.* **Trends In Genetics**, Londres, v. 24, n. 3, p.142-149, mar. 2008.

MASSARANI, L.. *Combate a doenças tropicais.* **Revista Ciência Hoje**, Rio de Janeiro, v. 101, n. 18, p.88-90, jul. 1994.

MASSARANI, L.; MOREIRA, I. C.. *Not in Our Genes! Um Estudo de Caso com Jovens do Ensino Médio no Rio de Janeiro.* **Alexandria: Revista de Educação em Ciência e Tecnologia**, Rio de Janeiro, v. 1, n. 1, p.51-76, mar. 2008.

MASSARANI, L.; MOREIRA, I. C.. *Quando a genética vira notícia: Um mapeamento da genética nos jornais diários.* **Ciência & Ambiente**, Santa Maria, v. 26, n. , p.141-148, 2003.

MENDONÇA, A. L. O.; VIDEIRA, A. A. P.. *A revolução de Kuhn.* **Revista Ciência Hoje**, Rio de Janeiro, v. 32, n. 189, p.77-79, dez. 2002.

MERCADANTE, A.. *Discurso de posse do Ministério de Ciência e Tecnologia.* In: NASSIF, L.. **O discurso de posse de Mercadante.** Poços de Caldas: Luis Nassif Online, 2011. Publicado em 03 jan. 2011.. Disponível em: <<http://www.advivo.com.br/blog/luisnassif/o-discurso-de-posse-de-mercadante>>. Acesso em: 25 mar. 2011.

MIOTO, R.. *Líder em genômica diz que fomos ingênuos sobre potencial de sequenciamento do DNA.* **Folha.com: Ciência**, São Paulo, 14 out. 2010. Entrevista Com Eric Green. Disponível em: <<http://www1.folha.uol.com.br/ciencia/814343-lider-em-genomica-diz-que-fomos-ingenuos-sobre-potencial-de-sequenciamento-do-dna.shtml>>. Acesso em: 12 nov. 2010.

MORA, J. F.. **Dicionário de Filosofia.** Lisboa: Ed. Dom Quixote, 1978.

MOREIRA, I. C.. *A inclusão social e a popularização da ciência e tecnologia no Brasil. Inclusão Social*, Brasília, v. 1, n. 2, p.11-16, abr-set. 2006.

MUELLER, S. P. M.. *Popularização do conhecimento científico. Datagramazero - Revista de Ciência da Informação*, Brasília, v. 2, n. 3, abr. 2002.

OLIVIER, V.. *Ulisses Capozzoli: há analfabetismo científica em Universidades e redações de jornais. Jornal da Ciência*, Rio de Janeiro, 12 jul. 2002.

PENA, S. D.. *Dez anos de Genoma Humano. Ciência Hoje Online: Coluna Deriva Genética*, Rio de Janeiro, n. , 11 jun. 2010. Disponível em: <<http://cienciahoje.uol.com.br/colunas/deriva-genetica/dez-anos-de-genoma-humano>>. Acesso em: 12 nov. 2010.

PENA, S. D.. *O genoma humano, Jorge Luis Borges e a Biblioteca de Babel. Ciência Hoje Online: Coluna Deriva Genética*, Rio de Janeiro, 12 maio 2006. Disponível em: <<http://cienciahoje.uol.com.br/colunas/deriva-genetica/o-genoma-humano-jorge-luis-borges-e-a-biblioteca>>. Acesso em: 12 nov. 2010.

PENA, S. D.; AZEVÊDO, E. S.. *O projeto genoma humano e a medicina preditiva: avanços técnicos e dilemas éticos*. In: COSTA, S. I. F.; GARRAFA, V.; OSELKA, G.. **Iniciação à Bioética**. Brasília: Conselho Federal de Medicina, 1998. p. 139-156.

PEREIRA, M. Z.; SANTOS, L. M. P.. *Efeito da fortificação com ácido fólico na redução dos defeitos do tubo neural. Cadernos de Saúde Pública*, Rio de Janeiro, v. 23, n. 1, p.17-24, jan. 2007.

PIMENTA, A. M. C.. *Os desafios do proteoma. Revista Ciência Hoje*, Rio de Janeiro, v. 32, n. 192, p.16-22, abr. 2003.

PORCIONATTO, M. A.. *Projeto Genoma Humano: uma leitura atenta do livro da vida? Circumscribere: International Journal Para A História da Ciência*, São Paulo, p. 51-63, 2007.

PRODOSCIMI, F.; SANTOS, F. S.. *Sobre bioinformática, genoma e ciência. Revista Ciência Hoje*, Rio de Janeiro, v. 35, n. 209, p.54-57, out. 2004.

PRONIN, T.. *Dez anos depois, repercussão do genoma no tratamento de doenças é limitada. Uol Notícias: UOL Ciência e Saúde*, São Paulo, 26 jun. 2010. Disponível em: <<http://noticias.uol.com.br/ultnot/cienciaesaude/ultimas-noticias/2010/06/26/primeiro-esboco-do-genoma-humano-completa-dez-anos-neste-sabado-26.jhtm>>. Acesso em: 11 nov. 10.

ROBERTS, L.. *Controversial From the Start*. **Science**, Estados Unidos, v. 251, n. 5507, p.1182-1188, 16 fev. 2001.

RUMJANEK, F.. *O 22 já foi, só faltam 22*. **Revista Ciência Hoje**, Rio de Janeiro, v. 27, n. 158, p.11-12, mar. 2000.

RUMJANEK, F.. *Ser ou não ser Homo*. **Revista Ciência Hoje**, Rio de Janeiro, v. 33, n. 195, p.14-15, jun. 2003.

SAGAN, C.. **O Mundo Assombrado pelos Demônios: a ciência vista como uma vela no escuro**. São Paulo: Ed. Companhia Das Letras, 1996. 512 p.

SASSERON, L. H.; CARVALHO, A. M. P.. *Almejando a Alfabetização Científica no Ensino Fundamental: a proposição e a procura de indicadores do processo*. **Investigações em Ensino de Ciências**, Porto Alegre, v. 13, n. 3, p.333-352, dez. 2008.

SILVA, G. B.; FREITAS, D. S.. *Quando a Genética Vira Notícia: o uso de textos de divulgação científica (TDC) em aulas de biologia*. **Revista Didática Sistemática**, Rio Grande, v. 3, n. , p.41-56, abr-jun. 2006.

SILVA, H. C.. *O que é divulgação científica?* **Ciência & Ensino**, Belo Horizonte, v. 1, n. 1, p.53-59, dez. 2006.

SIMONDON, G.. *A gênese do indivíduo*. In: PELBART, P. P.; COSTA, R.. **O reencantamento do concreto**. São Paulo: Hucitec, 2003. Cap. 6, p. 97-118. (Cadernos de subjetividade).

SOUZA, A. L. F.; BRUSAMARELLO, L. C. C.. *Sequenciamento de DNA: Decifrando o manual de instruções dos seres vivos*. **Genética Na Escola**, Ribeirão Preto, v. 1, n. , p.45-52, 03 mar. 2009.

SOUZA, S. J.. *O ponto X do sexo*. **Revista Ciência Hoje**, Rio de Janeiro, v. 36, n. 215, p.11-12, mai. 2005.

SULSTON, J.. *Ética e genética*. **Revista Ciência Hoje**, Rio de Janeiro, v. 35, n. 208, p.8-11, set. 2004. Entrevista concedida a Ferd Furtado.

TARGINO, M. G.. *Divulgação científica e discurso*. **Comunicação & Inovação**, São Caetano do Sul, v. 8, n. 15, p.19-28, jul-dez. 2007.

TONIETTI, T. M.. . *A Matemática nas Ciências: harmonia e matemática nos modelos do cosmo entre os séculos XVII e XVIII*. In: CAPRIA, M. M.. **A Construção da Imagem Científica do Mundo**. 1ª Edição, Rio Grande do Sul: Editora Unisinos, 1999. Cap. 3.

VENTER, J. C. *et al.* *The Sequence of the Human Genome*. **Science**, Nova Iorque, v. 291, n. 5507, p.1304-1351, 16 fev. 2001.

VENTER, J. C.. *Multiple personal genomes await*. **Nature**, Londres, v. 464, n. , p.676-677, 1 abr. 2010.

VIEIRA, C. L.; MASSARANI, L.; MUNIZ, M.. *A megaciência dos genes*. **Revista Ciência Hoje**, Rio de Janeiro, v. 15, n. 88, p.52-57, mar. 1993.

WENZEL, J W.; NOLL, F. B.. *Dados Comportamentais na Era da Genômica*. **Revista de Etologia**, São Paulo, v. 8, n. 1, p.63-69, jun. 2006.

WILDMAN, D. E. *et al.* *Implications of natural selection in shaping 99.4% nonsynonymous DNA identity between humans and chimpanzees: Enlarging genus Homo*. **Proceedings Of The National Academy Of Sciences Of The United States Of America (PNAS)**, Washington, v. 100, n. 12, p.7181-7188, 14 abr. 2003.

ZATZ, M.. *A importância dos estudos sobre o cromossomo 21*. **Revista Ciência Hoje**, Rio de Janeiro, v. 28, n. 163, p.13-14, ago. 2000.



