



Retórica determinista no genoma humano¹

Marcelo LEITE



RESUMO

A popularidade do Projeto Genoma Humano está intimamente relacionada com o uso político e retórico de um *determinismo genético* crescentemente irreconciliável com os resultados empíricos da pesquisa genômica atual. A complexidade verificada no genoma humano e em suas interações com o meio desautoriza a manutenção de uma noção simples e unidirecional de causalidade, contrariamente ao pressuposto na idéia de gene como único portador de *informação*, esteio da doutrina do determinismo genético. Porém, um complexo de metáforas informacionais e/ou lingüísticas continua vivo nos textos publicados por biólogos moleculares e outros pesquisadores na literatura científica, notadamente nos artigos veiculados nos periódicos de alto impacto *Nature* e *Science* de 15 e 16 de fevereiro de 2001, respectivamente. Tais metáforas inspiram um tipo de discurso ambíguo que modula nuances variadas de retórica determinista, conforme se dirija aos próprios pares ou ao público leigo. A crítica da tecnociência deve desafiar o campo da genômica a reformular drasticamente as metáforas que dão suporte a seu programa hegemônico de pesquisa.

PALAVRAS-CHAVE • Projeto Genoma Humano. Filosofia da ciência. Genética. Biotecnologia. Biologia molecular.

Para Alberto Tassinari

Se a promessa de revolução econômica, médica e social da biotecnologia tivesse de ser simbolizada por um único evento tecnocientífico, seria o seqüenciamento (soletração) do genoma humano, ou seja, a compilação dos mais de 3 bilhões de permutações bioquímicas entre bases nitrogenadas de quatro tipos (adenina, A; timina, T; citosina, C; e guanina, G) enfileiradas nos 23 pares de cromossomos da espécie *Homo sapiens*.

¹ Este artigo é uma versão modificada do capítulo 3 da tese de doutorado *Biologia total: hegemonia e informação no genoma humano*, defendida em 9 de agosto de 2005 no Departamento de Ciências Sociais do Instituto de Filosofia e Ciências Humanas da Universidade Estadual de Campinas e realizada sob orientação do Prof. Dr. Laymert Garcia dos Santos.

Na realidade, essa façanha mais tecnológica do que científica se desdobrou em três eventos de enorme repercussão mundial: uma cerimônia na Casa Branca (Washington, D.C.) em 26 de junho de 2000; a publicação de edições especiais dos periódicos científicos *Nature* e *Science* em 15 e 16 de fevereiro de 2001 contendo, respectivamente, os artigos originais sobre as seqüências-rascunho do genoma humano produzidas pela iniciativa pública Projeto Genoma Humano (PGH) e pela empresa privada *Celera Genomics*; e 14 de abril de 2003, quando a seqüência do PGH deixou de ser rascunho para alcançar a acuidade de 99,9% anteposta como meta. Nesta última data, os chefes de governo dos seis países envolvidos no PGH – Estados Unidos, Reino Unido, França, Alemanha, China e Japão – divulgaram um comunicado conjunto em que afirmavam que se tratava de “uma plataforma fundamental para o entendimento de nós mesmos”.²

O mês do último evento não fora escolhido por acaso. Apenas 11 dias depois do comunicado multinacional se comemorariam os 50 anos da publicação, no mesmo periódico *Nature*, do hoje célebre artigo (Watson & Crick, 1953) de pouco mais de uma página que registrou a descoberta da estrutura em dupla hélice da molécula de DNA, ácido desoxirribonucléico. Os próceres do PGH estabeleceram conscientemente um nexó genealógico com aquele que é tido como o momento inaugural da biologia molecular, cujo ápice seria o seqüenciamento do genoma humano. Mas a obtenção dos 99,9% de acuidade na soletração das longuíssimas cadeias de DNA contidas nos cromossomos acabaria ocasionando repercussão discreta na imprensa mundial, e não só porque a verdadeira finalização do genoma havia sido precedida por dois outros eventos mais midiáticos, em 2000 e 2001, mas também porque as limitações dessa forma de pesquisa biológica por atacado já começavam a se tornar aparentes.

A cerimônia de junho de 2000, por outro lado, em que pese a participação do presidente norte-americano Bill Clinton e do primeiro-ministro britânico Tony Blair, havia sido prematura, pois nem mesmo o qualificativo de “rascunho” era merecido pelas seqüências genômicas do PGH e da *Celera* naquela altura; na realidade, celebrava-se mais a obtenção de um acordo político precário entre os dois grupos concorrentes, PGH e *Celera*. Em jogo estavam não apenas primazia e prestígio científicos, mas direitos de acesso e talvez de propriedade sobre o que Bill Clinton chamou hiperbolicamente de “linguagem em que Deus criou a vida” (Watson & Berry, 2003, p. XIII). Em particular da parte da iniciativa pública, havia o temor de que uma publicação precoce da seqüência pela *Celera* desse à empresa privada direitos mais amplos, que tornariam inúteis os 12 anos e os mais de US\$ 2 bilhões de verbas majoritariamente públicas que o PGH já havia investido na empreitada.

² *Folha de S. Paulo*, 15.04.2003, p. A12.

O evento verdadeiramente científico que apresentou aos públicos acadêmico e leigo a seqüência do genoma humano foi, assim, representado pela publicação dos trabalhos em fevereiro de 2001. Nessas edições especiais das duas mais lidas publicações científicas do mundo, *Nature* e *Science*, estavam os portentosos artigos com as descrições dos principais achados e surpresas do genoma humano, assim como dezenas de outros trabalhos e reportagens discutindo aspectos técnicos, culturais e até políticos do genoma. Elas representam uma oportunidade única para tirar o pulso da nascente disciplina genômica, no momento mesmo em que ela dá por consolidada a própria hegemonia. O objetivo principal deste artigo é verificar quão fortemente ainda ecoa, nos trabalhos que reúne, o *determinismo genético*³ que ajudou o PGH a nascer e a obter, dos governos e de instituições sem fins lucrativos daqueles seis países, os bilhões necessários para engajar milhares de cientistas e técnicos no maior programa de pesquisa biológica coordenada de todos os tempos. Afinal, tratava-se de descobrir, com a soletração do genoma, “o que é ser humano” (Roberts, 2001, p. 1185) e de alcançar o “Santo Graal da biologia” (Judson, 1996, p. 604), nas palavras de James Watson e Walter Gilbert, respectivamente, na década de 1980, quando o PGH ainda era uma idéia em busca de patrocinadores.

Seqüenciar um genoma como o da espécie humana não é uma tarefa trivial. A identificação da base nitrogenada (A, T, C ou G) em cada uma das posições depende de inúmeras reações químicas cujos resultados precisam ser monitorados e recenseados com alto grau de confiabilidade. Quando a idéia de submeter o genoma humano inteiro a esse processo foi aventada pela primeira vez, por Robert Sinsheimer (Kevles & Hood, 1993, p. 18; Watson & Berry, 2003, p. 167) e por Renato Dulbecco (Dulbecco, 1997, p. 90; Watson, 2000, p. 171), os meios técnicos disponíveis permitiam identificar no máximo mil bases por dia; na época da conclusão do seqüenciamento, o PGH já tinha capacidade instalada para processar essa quantidade em um segundo, embora o princípio de discriminação das bases nitrogenadas fosse o mesmo (etiquetagem das bases finais de seqüências curtas, mas de extensão variável, com marcadores radiativos ou fluorescentes; e a subsequente separação dessas cadeias de DNA etiquetado por tamanho, conforme sua velocidade de percurso num meio gelatinoso submetido a corrente elétrica). Tamanha aceleração foi fruto de investimentos maciços em tecnologia, que culminaram com o lançamento de seqüenciadores automáticos em que as bases etiquetadas com marcadores fluorescentes (uma cor para cada um dos quatro tipos de base) são sucessivamente identificadas por laser enquanto percorrem dezenas de tubos capilares paralelos.

3 Por ora servirá a definição de determinismo oferecida por Craig Venter e colaboradores no trabalho sobre a seqüência do genoma humano: “a idéia de que todas as características da pessoa são ‘impressas’ [*hard-wired*] pelo genoma” (Venter *et al.*, 2001, p. 1348).

Antes de proceder ao seqüenciamento em massa do genoma, a metodologia adotada pelo PGH previa que cada um dos cromossomos fosse mapeado por meio de técnicas mais tradicionais de análise genética, pontilhando-os de seqüências-marcadoras facilmente identificáveis, que serviriam posteriormente para orientar a remontagem do genoma como um todo (o seqüenciamento exige que cromossomos sejam quebrados em incontáveis cadeias de algumas centenas de milhares de bases nitrogenadas, método conhecido como *shotgun*, por analogia com as espingardas cujos cartuchos espalham inúmeros fragmentos quando percutidos). A iniciativa pública seguia metódica e lentamente seu plano de concluir o trabalho apenas em 2005 quando, em 1998, o pesquisador e inventor Craig Venter anunciou que tentaria seqüenciar o genoma humano no prazo de três anos, empregando um método que saltava a etapa do mapeamento e só havia sido testado, até então, com genomas de microrganismos, várias ordens de grandeza menores e mais simples que os de mamíferos. A técnica, chamada de *whole-genome shotgun*, consiste em estilhaçar todos os 23 cromossomos de uma só vez, seqüenciar os milhões e milhões de pedaços e depois remontar por computador (*in silico*, como se diz) a seqüência toda, cromossomo por cromossomo, com base unicamente no alinhamento e superposição das cadeias soletradas.

Venter obteve apoio e capital da empresa de suprimentos e equipamentos Perkin Elmer, com quem formou a *joint-venture Celera Genomics*, que se lançou em 8 de setembro de 1999 na tarefa de seqüenciamento do genoma estilhaçado, concluído em 17 de junho de 2000, restando por fazer a parte mais difícil, que era recompor a seqüência dos cromossomos propriamente ditos. O PGH, que havia iniciado no princípio dos anos 1990 o seqüenciamento de pequena escala, em paralelo com o mapeamento do genoma, acelerara os trabalhos de soletração a partir de março de 1999, seis meses antes da *Celera*. Ambos os esforços seriam coroados com as edições de *Nature* e *Science* que entraram para a história da ciência. Tudo, nesses dois números das revistas, era grandioso, a começar pelos números, como se pode depreender do seguinte quadro-resumo (tabela 1).

Publicações como a *Nature* e a *Science* se encontram numa posição privilegiada para influenciar a forma final que as realizações dos cientistas assumem no imaginário social: têm periodicidade semanal, não são ultra-especializadas como a maioria dos *journals*, os trabalhos técnicos que veiculam são precedidos por artigos, comentários e notícias que contextualizam e discutem os dados e interpretações dos primeiros, e desenvolveram nas duas últimas décadas um sistema de prestação de serviços – *Press Nature* <press.nature.com> e *Eurekalert/Science* <www.eurekalert.org/jrnls/sci> – para jornalistas especializados em ciência que as transformou nas duas fontes preferidas de informação (ambas as publicações são também importantes formadoras de opinião na comunidade científica internacional). Não é de estranhar, assim, que as duas edições

aqui analisadas tenham abusado das hipérboles para sublinhar o caráter histórico da publicação das seqüências-rascunho do genoma humano; era imperioso, antes de mais nada, que os jornalistas assim a percebessem e assim a apresentassem para o grande público. Eis (tabela 2) uma relação não-exaustiva de qualificativos e figuras empregados ao longo dos mais de 70 textos das edições (nos parênteses, as numerações das páginas em que ocorrem).

Tabela 1. Quadro comparativo das edições sobre o genoma das revistas *Nature* e *Science* em 15 e 16 de fevereiro de 2001

	<i>Nature</i> , vol. 409, n. 6822	<i>Science</i> , vol. 291, n. 5507
Total de páginas	446	290
Páginas editoriais (percentual)	169 (38%)	141 (49%)
Páginas de publicidade (percentual)	277 (62%)	149 (51%)
Nº artigos sobre o genoma	39	32
Nº páginas do artigo principal	61	47
Autores do artigo principal	249	284
Centros de pesquisa de origem dos autores do artigo principal	20	14
Notas de rodapé (págs.) do artigo principal	452 (6)	181 (4)
Países envolvidos	6 (EUA, Reino Unido, Japão, França, Alemanha, China)	4 (EUA, Austrália, Israel, Espanha)
Nº total estimado de genes no genoma	30.000-40.000	26.000-38.000

Tabela 2. Hipérboles sobre o genoma nas revistas *Nature* e *Science* de 15 e 16 de fevereiro de 2001

<i>Nature</i> , vol. 409, n. 6822	<i>Science</i> , vol. 291, n. 5507
Revolução (758; 816; 832)	Revolução (1224; 1249)
Nova era (758; 814; 816; 823; 914)	Nova era (1182; 1224; 1249; 1257)
Avanço no autoconhecimento humano (813; 818)	Avanço no autoconhecimento humano (1153; 1182; 1185; 1219)
Revelação (814)	Tabela periódica da vida (1224)
Livro da Vida (816)	Livro/Biblioteca da Vida (1153; 1178; 1251)
Planta-mestre (<i>blueprint</i>) da espécie (822)	Planta-mestre (<i>blueprint</i>) da espécie (1181)
Tesouro de dados (828; 829; 860; 879)	Vôo de Gagarin (1178); pouso na Lua (1219)
Admirável Mundo Novo (758)	Jóia da Coroa/ápice da biologia (1182)
Façonha épica (829)	Momento histórico, épico (1153)

Uma simples comparação dos resumos que encimam os artigos principais (Lander *et al.*, 2001; Venter *et al.*, 2001) revela, pelo tom de grandiosidade e elevação moral, que o PGH tinha muito mais de seu futuro em jogo – um futuro lastreado, para o bem e para o mal, em gastos passados de mais de US\$ 2 bilhões – do que a *Celera*. Eis o que afirmam os 249 autores do consórcio público nas três linhas que abrem o texto e ocupam o lugar tradicional do *abstract*, neste caso com função mais jornalística do que acadêmica:

O genoma humano contém uma arca extraordinária de informação sobre desenvolvimento, fisiologia, medicina e evolução humanos. Relatamos aqui os resultados de uma colaboração internacional para produzir e tornar livremente acessível uma seqüência-rascunho do genoma humano. Também apresentamos uma análise inicial dos dados, descrevendo algumas das iluminações que podem ser recolhidas da seqüência (Lander *et al.*, 2001, p. 860).

Compare-se esse uso de um adjetivo – *extraordinário* – tão impreciso quanto incomum na prosa científica, o auto-elogio implícito de generosidade (*livremente acessível*) e o escopo totalizante (*desenvolvimento, fisiologia, medicina e evolução humanos*) com a relativa sobriedade técnica, quantitativa e informativa das 36 linhas do resumo – este sim um acabado *abstract* – no artigo escrito pelos 284 autores concorrentes da *Celera* e institutos associados na *Science*:

Uma seqüência-consenso de 2,91 bilhões de pares de bases (bp [*base pairs*]) da porção eucromática do genoma humano foi gerada pelo método de seqüenciamento *whole-genome shotgun*. A seqüência de DNA de 14,8 bilhões de bp foi gerada ao longo de 9 meses a partir de 27.271.853 leituras de alta qualidade de seqüências (cobertura de 5,11 vezes do genoma) partindo de ambas as pontas de clones plasmídios obtidos do DNA de cinco indivíduos. Duas estratégias de montagem – uma montagem de genoma completo e uma montagem regional de cromossomos – foram usadas, cada uma combinando dados de seqüências da *Celera* e do esforço genômico financiado publicamente. Os dados públicos foram picados em segmentos de 550 bp para criar uma cobertura de 2,9 vezes daquelas regiões do genoma que haviam sido seqüenciadas, sem incluir vieses inerentes ao procedimento de clonagem e montagem usado pelo grupo financiado publicamente. Isso elevou a cobertura efetiva das montagens a oito vezes, ao reduzir o número e o tamanho das lacunas na montagem final, em relação ao que seria obtido com uma cobertura de 5,11 vezes. As duas estratégias de montagem renderam resultados muito similares que concordam grandemente com dados de

mapeamento independentes. As montagens cobrem efetivamente as regiões eucromáticas dos cromossomos humanos. Mais de 90% do genoma se encontra em montagens com estruturas [*scaffolds*] de 100.000 bp ou mais, e 25% do genoma em estruturas de 10 milhões de bp, ou maiores que isso. A análise da seqüência do genoma revelou 26.588 transcritos codificadores de proteínas, para os quais houve fortes evidências em corroboração, e um adicional de ~12.000 genes derivados computacionalmente, por meio de coincidências com o [genoma do] camundongo ou de outras fracas evidências em apoio. Embora aglomerados densos em genes sejam óbvios, quase a metade dos genes estão dispersos por seqüências de baixo [conteúdo] G+C, separadas por longos trechos de seqüências aparentemente não-codificadoras. Apenas 1,1% do genoma é compreendido por éxons, ao passo que 24% são de íntrons, com 75% do genoma composto de DNA intergênico. Duplicações de blocos segmentais, cujo tamanho pode abarcar a extensão de um cromossomo, são abundantes por todo o genoma e revelam uma história evolutiva complexa. A análise genômica comparativa indica a expansão vertebrada de genes associados com funções neuronais, com regulação de desenvolvimento específico de tecidos e com os sistemas hemostático e imune. A comparação das seqüências de DNA entre a seqüência-consenso e os dados do genoma financiado publicamente fornecem localizações de 2,1 milhões de polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs). Um par aleatório de genomas humanos haplóides diferiu a uma razão de 1 bp por 1.250, em média, mas houve heterogeneidade marcante no nível de polimorfismos ao longo do genoma. Menos de 1% de todos os SNPs resultaram na variação de proteínas, mas a tarefa de determinar quais SNPs têm conseqüências funcionais permanece um desafio em aberto (Venter *et al.*, 2001, p. 1305).

O texto do PGH na *Nature* se abre, logo após o pseudo-resumo, com o artifício de estabelecer uma genealogia secular de nobreza, um *pedigree* científico que principia com a redescoberta das leis de Mendel na virada do século XIX para o XX, passa pela descoberta e pela caracterização dos cromossomos, pela definição da “base molecular da hereditariedade” (a dupla hélice de Watson e Crick) e pela decifração de sua “base informacional” (o chamado código genético), para culminar, obviamente, no próprio PGH: “O último quarto de século tem sido marcado por um impulso incansável de decifrar primeiramente genes e, então, genomas inteiros, semeando o campo da genômica” (Lander *et al.*, 2001, p. 860). É manifesto, em expressões como *impulso incansável*, o empenho de justificação que perpassa esse texto híbrido, misto de artigo científico, relatório de pesquisa e petição pela continuidade do fluxo de financiamento, embora supostamente a tarefa estivesse concluída. Essa, de resto, parece ser a ambi-

güidade central do texto: apresenta-se como a expressão editorial de um clímax na pesquisa biológica, como a culminação de um esforço épico, em tamanho e implicação, mas ao mesmo tempo precisa reconhecer, ou explicitar, que os dados obtidos após 12 anos e mais de US\$ 2 bilhões investidos na pesquisa quase não têm utilidade ou aplicação imediata. Em 2000/2001, pelo menos, esse não se configurava como um problema tão agudo para o grupo capitaneado pela *Celera*, que investira cerca de um décimo do tempo e do dinheiro na empreitada e acreditava, naquela altura, estar perto de obter rendimentos régios com a venda de informações genômicas; daí, talvez, proceda a relativa sobriedade do texto de Venter et al. (2001), que não precisam convencer o público internacional da importância transcendente de sua dispendiosa aventura científica.

O PGH sempre esteve às voltas com esse tipo de discurso, hiperbólico e propagandístico, desde o princípio. Foi, por exemplo, perante o Congresso norte-americano que James Watson qualificou o seqüenciamento do genoma como a façanha que permitiria descobrir “o que significa ser humano”. Watson tornou-se, em 1988, o primeiro diretor do Instituto Nacional de Pesquisa do Genoma Humano (NHGRI), criado dentro dos Institutos Nacionais de Saúde (NIH, órgão do governo federal norte-americano que é o maior financiador isolado de pesquisas biomédicas nos Estados Unidos) para capitanear o seqüenciamento do genoma humano em parceria com o Departamento de Energia (DOE), que abraçou a idéia de soletrar todo o DNA da espécie humana, como parte de um mandato que incluía a pesquisa dos efeitos da radiação nuclear na saúde humana, e financiou 11% do PGH (Watson & Berry, 2003, p. 168). Atuando mais como um “diretor de marketing e primeiro vendedor” do PGH (Lindee, 2003, p. 434), o co-descobridor da dupla hélice do DNA deixou o cargo em meio a um enfrentamento com a cúpula dos NIH por causa de pedidos de patentes para 2.758 fragmentos de genes sem função conhecida que um pesquisador então obscuro (Craig Venter) da instituição passou a apresentar a partir de junho de 1991 (Watson & Berry, 2003, p. 180), dos quais Watson discordava. Foi, no entanto, o sucessor de Watson no NHGRI, Francis Collins, quem centrou a retórica pró-seqüenciamento nos projetados benefícios da empreitada para a biomedicina:

Enquanto Watson e seus conselheiros haviam falado de criar uma ferramenta, Collins falava de salvar vidas de crianças. ‘A razão pela qual o público paga e fica entusiasmado – bem, genes de doenças estão no alto da lista’, explicava. Foi a época de ouro para os caçadores de genes. [...] Perdido no oba-oba, porém, ficou o fato de que achar um gene era algo muito diferente de ter um tratamento, muito menos uma cura (Roberts, 2001, p. 1186).

As edições da *Nature* e da *Science* com os artigos do genoma não trazem a divulgação de grandes avanços biomédicos, como seria de esperar. Daí resulta que muitos dos textos nelas apresentados recorram a uma mistura de otimismo e realismo em relação ao genoma recém-seqüenciado, um reconhecimento de que a soletração por si só pouco ou nada acrescenta em matéria de aplicações para a saúde, e à reafirmação de que uma avalanche de benefícios e avanços é iminente – daí as seguidas referências a uma revolução ou nova era na medicina, que será feita de medicamentos do tipo *bala de prata*, com precisão molecular, e seu ajuste sob medida para o perfil genético do paciente (a droga certa para a doença e para o paciente, do qual um dia será possível prever, com base em seus genes, até as reações adversas ou ineficiência de resposta). É como se a genômica permanecesse sempre como a ciência do futuro, um futuro indeterminado, que nunca chega, mas que certamente vai chegar, asseguram os crentes.

Há várias passagens, nas dezenas de artigos das edições de fevereiro de 2001, em que vem à tona essa tensão entre resultados prometidos e resultados obtidos pelo seqüenciamento do genoma. Um dos mais eloqüentes aparece quase como um desabafo num artigo de Maynard Olson, pesquisador que na década de 1980 chegara a duvidar da necessidade de seqüenciar o genoma humano. É sintomático que sua exasperação se dirija simultaneamente, ainda que não de modo explícito, às duas faces complementares da fabricação do *momento histórico*, os próceres do projeto e a imprensa: “... cada nova rodada de entrevistas coletivas anunciando que o genoma humano foi seqüenciado solapa o moral daqueles que precisam ir trabalhar todos os dias para de fato fazer aquilo que eles lêem nos jornais como algo que já foi realizado” (Olson, 2001, p. 818). Na segunda-feira anterior à circulação das edições da *Nature* e da *Science*, nada menos do que seis entrevistas coletivas simultâneas haviam sido organizadas pelo mundo, uma em cada país participante do esforço PGH, a mais importante delas em Washington, com a participação “cordial” de Collins (PGH) e Venter (*Celera*), prontos para disputar as atenções da imprensa: “[...] no aquecimento para esses encontros, os líderes integrantes de ambas as equipes vinham trabalhando duro na tentativa de assegurar que a história – ou pelo menos a mídia – julgasse que eles haviam feito a contribuição mais importante” (Butler, 2001a, p. 747).

Essa tensão encontrou sua salvação retórica num artigo de fé, uma fé já um tanto esmaecida entre cientistas às voltas com realidades insuspeitadas no âmagô do genoma, mas que eles nem por isso se esforçaram por abalar no público que paga e se entusiasma: a fé no determinismo genético.

I DETERMINISMO ENVERGONHADO E MITIGADO

“Não devemos recuar nessa exploração. E o fim de toda nossa exploração será chegar ao ponto de onde partimos, e conhecer o lugar pela primeira vez.” A citação de T. S. Eliot que fecha o artigo do PGH na *Nature* (Lander *et al.*, 2001, p. 914) exprime bem, provavelmente à revelia dos autores, a curiosa circularidade implícita na empreitada do genoma. Eles decerto tinham em vista a coloração épica do verso, para fechar com chave de ouro as 61 páginas do texto, mas ao mesmo tempo indicaram com ela que nada de imprevisto havia ocorrido: soletrado o genoma da espécie, tinham em mãos – por definição – o texto do que significa ser humano. A frase final de Eliot (“e conhecer o lugar pela primeira vez”) sugere, porém, que a jornada transforma tanto o viajante quanto seu destino, e é mesmo isso que parece ter acontecido com os seqüenciadores do genoma: ao alcançarem seu objetivo, já não podiam mais sustentar com a mesma desenvoltura a doutrina da centralidade dos genes que havia servido tão bem como motivação e racionalidade do programa bilionário para recenseá-los.

Processos paralelos de crítica às simplificações do determinismo genético (tudo que ocorre num organismo é comandado pelos genes) e de detalhamento da complexidade inerente ao genoma, ao longo dos 12 anos do PGH, já não permitiam, no seu clímax editorial e midiático, usar a mesma linguagem e as mesmas metáforas, pelo menos não sem alguma dose de pudor, qualificativos e atenuações. O resultado é que as duas edições (*Nature* e *Science*) oferecem um espécie de *pot-pourri* com todos os matices de determinismo, do mais empedernido genocentrismo a críticas pesadas da genomania – por vezes no interior de um mesmo texto. É como se os geneticistas escrevessem ao mesmo tempo para dois públicos, um leigo e um especializado; ou, então, trata-se de um efeito de transição entre maneiras de encarar o objeto genoma que os faz oscilar entre uma retórica determinista e descrições menos deterministas, em vários graus. Embora um James Watson se permita reeditar, num volume lançado em 2000, ensaios da década de 1990 em que equaciona a natureza humana com os genes da espécie (Watson, 2000, p. 172), numa publicação científica isso já se tornara quase impossível, sem adicionar algumas ressalvas, como a tão generalizada quanto protocolar referência ao papel complementar do ambiente (ou *nurture*).

Embora ressurja aqui e ali, muitas vezes em minúsculas, a metáfora quase religiosa do *Livro da Vida* já se tornara problemática demais, assim como o hábito de se referir a genes como *causas* de doenças e características. O editorial que abre a *Nature*, por exemplo, opta por refugiar-se na noção menos comprometedora de *influência*, ao mesmo tempo em que recorre a intensificadores para sublinhar seu caráter abrangente e definidor tanto da história do indivíduo quanto da história da espécie:

A seqüência do genoma humano contém o código genético que reside no núcleo de cada célula dos 10 trilhões de células em cada ser humano. Ele influencia profundamente nossos corpos, nosso comportamento e nossas mentes; vai ajudar no estudo das influências não-genéticas sobre o desenvolvimento humano; vai desencadear novas iluminações sobre nossas origens e nossa história como espécie; e aponta novos caminhos para combater doenças (Human, 2001, p. 745).

Essa formulação cuidadosa contrasta em alguma medida com outra de sabor mais determinista, oferecida por três editores da revista britânica no texto introdutório da longa seção sobre o genoma, ainda que igualmente mitigada pela referência implícita a outros fatores, como o ambiente: “Seres humanos são muito mais do que simplesmente o produto de um genoma, mas *em um certo sentido* nós somos, tanto coletiva quanto individualmente, *definidos* no quadro do genoma” (Dennis *et al.*, 2001, p. 813; grifos meus).

Para além desses textos de responsabilidade da equipe de edição da *Nature*, dos quais sempre se poderia dizer que misturam conceitos sem critério, porque isso é da praxe do jornalismo, o próprio artigo científico central da equipe do PGH não escapa dessa mesma oscilação. Após enumerar exaustivamente os muitos elementos genômicos que não se encaixam na visão simplista *gene à proteína à característica* – sobretudo o chamado *processamento alternativo*, segundo o qual os mesmos “genes” podem resultar em proteínas diversas, e os vários indícios de um sistema regulador da expressão (ativação) dos genes tão intrincado quanto malcompreendido –, Lander *et al.* (2001, p. 892) recaem na tentação da hipérbole determinista ao qualificar a tarefa de compilação da “lista completa dos genes humanos e das proteínas por eles codificadas” como a produção “da ‘tabela periódica’ da pesquisa biomédica”. Ainda que um degrau abaixo do Livro da Vida, e apesar das minúsculas e das aspas, não fica distante da metáfora preferida dos geneticistas quando falam para o público, pois a tabela periódica representa, para a química, uma espécie de quadro sinóptico da matéria, em que cada componente fundamental – os elementos – encontra uma posição definida e matematicamente descrita numa totalidade de ordem transparente. Alguns degraus mais abaixo se encontra outra metáfora escritural, a do “caderno de notas de laboratório da evolução” (Lander *et al.*, 2001, p. 914), que emergiria da comparação dos genomas de diversas espécies; embora bem menos imponente que uma Bíblia, o caderno, ainda assim, é uma metáfora menos inocente do que aparenta, pois implica tomar a própria natureza como circunscrita aos limites antropomorfizados de um processo de invenção (o que implica *intencionalidade*) e de experimentação (o que implica *controle*) centrado nos genes (o que implica *determinismo*).

Formulações ainda mais atenuadas podem ser encontradas nos artigos de comentário e contextualização encomendados pela *Nature*. O Nobel David Baltimore, por exemplo, que havia sido nos anos 1980 um dos críticos da idéia de sequenciar por completo o genoma humano, afirma que “as seqüências-rascunho do genoma humano [...] fornecem um *esboço* da informação *necessária* para criar um ser humano” (Baltimore, 2001, p. 814; grifos meus), uma escolha cuidadosa de palavras, pois ao menos deixa implícito que o autor não as considera necessariamente *suficientes* para a criação de um exemplar da espécie, como reza a doutrina genocêntrica da *ação gênica*. Esse modo de pensar que marcaria a genética e a biologia molecular havia sido forjado ainda antes da descoberta da estrutura do DNA em dupla hélice (no ano de 1953) e até mesmo antes da comprovação de que era o DNA, e não uma ou mais proteínas, a substância portadora da hereditariedade genética (1944); sua matriz se encontra num célebre e influente livro, escrito em 1944 (publicado em 1946), não por um biólogo, mas por um físico, e logo um prócer da mecânica quântica, ninguém menos que Erwin Schrödinger, autor de *What is life?*, no qual lança a noção de que o “sólido aperiódico” capaz de conter de maneira cifrada as informações hereditárias teria de reunir numa mesma entidade duas funções que, na metáfora, necessariamente vêm separadas: as plantas do arquiteto e a mão-de-obra do construtor (Schrödinger, 1997, p. 41-2).

Chega a ser surpreendente que, seis décadas depois, uma analogia tão problemática ainda esteja em circulação, mas é o que se observa na mescla de variados graus de determinismo genético que as edições de fevereiro de 2001 apresentam. Não só a imagem da planta-mestre (*blueprint*) se repete à exaustão como ainda chega a ser empregada quase no mesmo sentido de Schrödinger, num *box* jornalístico da *Science*: “O genoma humano aparece como a planta-mestre para construir um organismo, mas cabe aos biólogos do desenvolvimento decifrar como tal ‘planta-mestre’ *dirige* a construção” (Vogel, 2001, p. 1181; grifo meu).

Muitos pesquisadores que escrevem nos dois periódicos preferiram no entanto resguardar-se numa formulação mais cuidadosa, ainda que remanescente da metáfora arquitetônica, recorrendo à imagem do *suporte* ou *arcabouço* – *scaffold*, em inglês. Ela ocorre, por exemplo, na seguinte descrição do processo de expressão gênica (transcrição de um trecho de DNA, no interior do núcleo celular, em uma molécula mensageira de RNA com seqüência correspondente, por sua vez traduzida, já fora do núcleo, na seqüência de aminoácidos que comporá a proteína.): “... transcrição, pré-processamento de RNA e formação de terminações 3’ [...] envolvem o reconhecimento de um ácido nucléico (DNA ou RNA) que serve como *suporte* para o complexo multiproteína no qual a *reação relevante* (transcrição, processamento ou formação de terminação 3’) acontece” (Tupler *et al.*, 2001, p. 832). Em sentido já mais figurado, a metáfora reaparece, na edição da *Science*, num artigo de Svante Pääbo em que a alternância entre

hipérboles e prudência é particularmente digna de nota. Após comparar a soletração com o pouso do homem na Lua e com a explosão da primeira bomba atômica, pois, como nesses eventos marcantes, ela obrigaria o homem a refletir sobre si mesmo, ele afirma que “a seqüência do genoma humano nos dá uma visão do *arcabouço* genético interno em torno do qual cada vida humana é moldada” (Pääbo, 2001, p. 1219).

Outra analogia inaugurada por Schrödinger é a da linguagem cifrada, cuja fonte parece estar na importância que a criptografia adquiriu durante a Segunda Guerra Mundial. Nas décadas seguintes, ela seria acrescida de novas camadas semânticas com o surgimento dos primeiros computadores programáveis, quando o *código genético* passa a ser subentendido como código de computador, programa, software, e aquilo que o DNA encerra, como *informação* (cf. Kay, 2000). Seu emprego se generalizou durante a década de 1960, quando os mais destacados biólogos moleculares se dedicaram à tarefa de *decifrar o código genético*, ou seja, descobrir os mecanismos pelos quais seqüências determinadas de bases nitrogenadas no DNA especificam seqüências determinadas de aminoácidos para a síntese de uma proteína particular – o que conduziu à descoberta de que isso ocorre por meio de *sílabas* de três bases conseqüentemente batizadas como *códons*.

A partir de então, e até hoje, sempre que um biólogo molecular fala em *código genético* ou trecho *codificante* na seqüência de DNA (éxon), é a imagem de um programa de computador que está em vista – e é dessa maneira que devem ser entendidas as dezenas de menções que aparecem em ambas as edições de fevereiro de 2001 dos periódicos científicos com a apresentação do genoma humano, tanto mais porque hoje a análise computadorizada das seqüências se tornou uma ferramenta imprescindível da genômica. Também elas, no entanto, aparecem ali com alguns grãos de sal, pois é longa a tradição de crítica a essa noção, iniciada, entre outros, por Lewontin, Rose & Kamin (1985). Há, por exemplo, muitos registros dando conta de que o *código* ou *programa* é muito mais complexo do que o esquema instrução/execução faz supor – pela presença no genoma de uma série de elementos e forças que escapam inteiramente a essa conceituação, como as formas ditas *parasíticas* de DNA conhecidas como transposons e retrotransposons.

2 CIENTISTAS CULPAM A IMPRENSA

Em certos pontos do panorama oferecido pelas duas revistas, alguns pesquisadores lançam alguma luz sobre esse contínuo de visões mais ou menos deterministas sobre o papel dos genes. É o que se pode observar no artigo de Peltonen & McKusick (2001), no qual, apesar de reeditarem a hipótese do genoma como Tabela Periódica da Vida (p. 1224), os autores tentam sistematizar essa coabitação de noções e estilos explicativos

na forma de uma série de “mudanças de paradigmas” que estaria ocorrendo na biologia molecular, compilando o seguinte quadro de deslizamentos conceituais e prioridades de pesquisa (p. 1226; grifos meus):

Genômica estrutural	→	Genômica funcional
Genômica	→	Proteômica
Descoberta de genes baseada em mapas	→	D. baseada em seqüências
Disfunções monogênicas	→	Disfunções multifatoriais
Diagnósticos por DNA específico	→	Monitoramento de suscetibilidade
Análise de um gene único	→	Análise de múltiplos genes
<i>Ação gênica</i>	→	<i>Regulação gênica</i>
<i>Etiologia (mutação específica)</i>	→	<i>Patogênese (mecanismo)</i>
Uma espécie	→	Várias espécies

Os dois itens assinalados indicam bem como parece ser importante e profunda a transição em curso, ainda que poucos cientistas se conscientizem dela e, menos ainda, tirem as conseqüências cabíveis naquela parte de seu discurso dirigido ao público e não aos próprios pares: *regulação* é, em princípio, algo a que os genes estão submetidos, não algo que os genes *fazem, comandam, determinam* etc.; também parece ocorrer um deslizamento da ênfase na noção informacional de *mutação* (como um tipo de comutador liga/desliga, diferença que faz a diferença) pela de *mecanismo*, um composto de elementos articulados em que a função se distribui por todos eles, os quais podem também se rearranjar, modular, adaptar etc. “Nenhum gene opera num vácuo; ao contrário, cada gene interage ativamente, seja diretamente, seja por meio de seu produto de proteína, com muitos outros genes e produtos de genes. Isso resulta em variações marcantes nos sintomas de pacientes com a mesma doença”, escrevem Peltonen & McKusick (2001, p. 1226). Para além das referências protocolares ao papel do ambiente, que aparecem por toda parte entre os artigos do genoma, alguns autores avançam até o ponto de denunciar a falácia do *genocentrismo*, da *doutrina da ação gênica* e do *determinismo* nela implícito: “para alguns, há um perigo de genomania, com todas as diferenças (ou similaridades, além do mais) sendo depositadas no altar da genética. Mas eu espero que isso não aconteça. Genes e genomas não agem num vácuo, e o ambiente é igualmente importante na biologia humana”, escreve Chakravarti (2001, p. 823).

Talvez a mais direta e surpreendente denúncia do determinismo genético, entre os artigos de cientistas na *Nature* e na *Science*, tenha sido a que partiu do próprio Craig Venter. É ainda mais surpreendente que ela conste do último parágrafo do texto (em franco contraste com o fecho poético-laudatório da citação de T. S. Eliot do artigo do

PGH na *Nature*), e mesmo que contrabandeando mais uma metáfora arquitetônica à maneira de Schrödinger:

Há duas falácias a evitar: *determinismo*, a idéia de que todas as características da pessoa são “impressas” pelo genoma; e *reduccionismo*, a visão de que, com o conhecimento completo da seqüência 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 *et al.*, 2001, p. 1348; grifos meus).

Como explicar, então, a persistência das noções deterministas acerca do papel primordial dos genes, dentro e fora da literatura científica? Vários autores representados nas edições em pauta da *Nature* e da *Science* têm uma resposta pronta: é a imprensa leiga que mantém viva a chama do genocentrismo. Assim se pronuncia, por exemplo, o artigo de McGuffin, Riley & Plomin acerca da genética comportamental, que os autores apontam como um dos campos preferidos do tratamento sensacionalista (o que é manifestamente verdadeiro): “isso se deve provavelmente ao fato de que a maioria dos jornalistas – em comum com a maioria das pessoas leigas cultas (e alguns biólogos) – tendem a ter uma visão da genética simplificada, de gene único” (McGuffin; Riley & Plomin 2001, p. 1232). Essa é também a opinião de Pääbo:

[...] talvez o maior perigo que eu vejo se origine da enorme ênfase que a mídia pôs sobre o genoma humano. Os sucessos da genética médica e da genômica durante a última década resultaram numa forte guinada em direção a uma visão quase completamente genética de nós mesmos. Considero surpreendente que, dez anos atrás, uma geneticista tinha de defender a idéia de que não só o ambiente, mas também os genes, moldavam o desenvolvimento humano. Hoje, sentimo-nos compelidos a acentuar que há um grande componente ambiental para as doenças comuns, o comportamento e os traços de personalidade! Há uma tendência insidiosa a olhar para os nossos genes em busca da maioria dos aspectos de nossa “humanidade” e a esquecer que o genoma não é senão um arcabouço interno para nossa existência (2001, p. 1220).

Não se trata, é claro, de minimizar o papel e a responsabilidade de jornalistas na disseminação das formas deterministas de entender o genoma, mas a circulação desses conceitos pelos vários segmentos da opinião pública – em particular o trânsito entre as subesferas tecnocientífica (pesquisadores especializados), semileiga (pesquisadores de outras áreas e jornalistas ou divulgadores de ciência) e leiga (leitores em geral) – não parece encaixar-se muito facilmente na figura da *distorção* de cunho sensacionalista. Em primeiro lugar, porque as metáforas que veiculam tais conteúdos não foram cunhadas pela imprensa, mas assimiladas por ela; depois, porque os cientistas, ainda que se afastem da literalidade dessas analogias em suas categorias operacionais de uso no contexto experimental, prosseguem na sua utilização, em maior ou menor grau, nos textos que destinam para formar a opinião de seus próprios pares e dos jornalistas especializados, leitores de publicações como *Nature* e *Science*, intermediários na transmissão e na interpretação desses feitos da tecnociência genômica para o público leigo. Pode-se cogitar muitas razões para que o façam, mas certamente uma delas – possivelmente uma das centrais – é que tais metáforas permanecem como *sítios articuladores de sentido em seu próprio pensamento*, vale dizer, da interpretação cultural que organizam para seu próprio consumo, e da sociedade, acerca da própria atividade e das realidades “naturais” que investigam. Paga-se um preço, além de colher dividendos, ao cunhar e pôr em circulação metáforas como a do Livro da Vida ou do programa de computador no DNA, como ensina na própria *Science* um crítico precoce do genoma, Lewontin:

Parece impossível fazer ciência sem metáforas. Desde o século XVIII a biologia vem sendo uma elaboração da metáfora original de Descartes para o organismo como uma máquina. Mas o uso de metáforas carrega consigo a consequência de que construímos nossa visão do mundo e formulamos nossos métodos para sua análise como se a metáfora fosse a própria coisa. Há muito que o organismo deixou de ser visto *como* uma máquina e passou a ser enunciado como *sendo* uma máquina (Lewontin, 2001, p. 1263).

Dito de outra maneira, os geneticistas e biólogos moleculares de fato pensam no organismo ou na célula como uma espécie de computador que tem no genoma seu software, o qual contém não só programas aplicativos como também os próprios dados a serem computados – como fica evidente nos vários exemplos oferecidos acima. Ocorre que as realidades medidas e descritas pela contínua pesquisa genômica são mais e mais incompatíveis com esse vocabulário, sem que, no entanto, ele seja por isso abandonado. O resultado dessa promiscuidade conceitual e figurativa é a abertura de uma larga margem de maleabilidade retórica para o discurso de cientistas, que podem modulá-lo de acordo com a ocasião e o público, aumentando ou diminuindo a literalidade das

metáforas de fundo determinista que sempre estiveram na raiz das razões da genômica. Nem todos se mostram satisfeitos com as ambigüidades dessa miscelânea, porém, e já se batem por alguma forma de depuração da linguagem de consumo público sobre a genômica – seja por demanda de rigor intelectual, seja pela antevisão de que as metáforas exageradas poderão ser cobradas ao pé-da-letra, mais à frente.

Uma das vozes que se levantam com autoridade nessa direção, e na própria *Nature*, é a de Horace Freeland Judson, do Centro para História da Ciência Recente da *George Washington University*. Judson angariou prestígio acadêmico com uma das duas principais obras historiográficas sobre as primeiras décadas da biologia molecular.⁴ Assim como Lewontin, ele se inclina para a recusa da idéia de que o determinismo genético e o linguajar metafórico a ele associado sejam obra apenas da imprensa:

A linguagem que usamos sobre a genética e o projeto genoma por vezes limita e distorce nossa própria compreensão e a do público. [...] Essa linguagem descuidada não é mero jargão, cientistas falando entre si. Cientistas falam para os meios de comunicação, e os meios de comunicação falam para o público – e aí os cientistas reclamam que os meios de comunicação entenderam tudo errado e que os políticos e o público estão desinformados. O que os meios de comunicação fazem é mediar. A desinformação pública é, em grande medida e na origem, culpa dos próprios cientistas (Judson, 2001, p. 769).

Judson denuncia em seu artigo como problema central o uso da expressão *gene de*, ou *gene para* (*gene for*, em inglês), como na locução *gene da linguagem*, e defende a ressurreição do termo *alelo*: em lugar da construção paradoxalmente finalista “gene do câncer de mama”, o correto seria falar do alelo (gene com defeito ou modificação) que aumenta a chance de desenvolver um tumor mamário. Afinal, na maioria das vezes, o que os geneticistas obtêm não vem a ser mais do que uma correlação estatística entre a presença de um determinado marcador em certa região cromossômica e a probabilidade de desenvolver dada moléstia. Para ele, o que está sendo perdido com a generalização desse vocabulário é a capacidade de falar com propriedade da complexidade inerente ao tema:

Pliotropia. Poligenia. Talvez esses termos não se tornem facilmente de emprego geral, mas o ponto crítico que nunca deve ser omitido é que os genes agem em concerto uns com os outros – coletivamente, com o ambiente. De novo, tudo isso já foi compreendido há tempos por biólogos, quando se desvencilham de pala-

⁴ *The eighth day of creation* (Judson, 1996); a outra, *The path to the double helix*, é de autoria de Robert Olby (1994).

vras habitualmente descuidadas. Não abandonaremos o programa mendeliano reducionista por um holismo oportunista: não podemos abandonar o termo gene e seus aliados. Ao contrário, por nós mesmos e pelo público em geral, o que necessitamos é nos lançar mais inteira e precisamente na linguagem apropriada da genética (Judson, 2001, p. 769).

Um bom começo, tendo em vista a impossibilidade de engatar marcha à ré na hoje popularíssima noção de gene, seria aderir à definição mais operacional – e menos comprometida, semanticamente – oferecida por Venter *et al.*: “Um gene é um *locus* de éxons cotranscritos” (2001, p. 1317). Simples, na aplicação, mas sem as dobras nas quais possam refugiar-se as implicações de fundo determinista – como na formulação tradicional que define o gene de modo finalista e pré-formacionista pelo produto eventual de sua transcrição, a proteína de cujo “código” ele é o suposto portador e arauto.

3 SINTOMAS DE CRISE NA GENÔMICA

À primeira vista, a seqüência do genoma não é mais do que uma fileira de letras químicas (bases nitrogenadas) abreviadas com As, Ts, Gs e Cs, como um livro numa língua estrangeira que não se compreende, na imagem de Fred Sanger (cf. Pennisi, 2001, p. 1180), inventor do principal método de seqüenciamento de DNA. Com base no conhecimento acumulado sobre certas peculiaridades das seqüências que contêm genes, no entanto, a bioinformática tem instrumentos para identificar muitos candidatos a genes e, até, arriscar alguns palpites sobre a função provável de parte deles (a partir da comparação com características de outros genes). Esse trabalho de análise computadorizada, ou *in silico* (por oposição tanto a *in vivo* quanto a *in vitro*) do genoma em busca de genes de interesse é muitas vezes referida como *garimpo* (*mining*). Uma das principais esperanças dos bioinformatas e biólogos moleculares sempre foi, tendo a seqüência completa do DNA da espécie, tornarem-se capazes de fazer grandes descobertas dessa maneira, rodando programas de computador especializados em garimpar genes, sem precisar gastar meses ou anos em laboriosos experimentos bioquímicos.

Vários artigos publicados nas edições da segunda semana de fevereiro de 2001 dos periódicos *Nature* e *Science* se dedicavam a apresentar resultados preliminares dessa garimpagem com as seqüências-rascunho recém-obtidas, e eles foram em certa medida decepcionantes. No caso da *Nature*, os nove artigos com esse propósito são sumarizados num décimo (cf. Birney *et al.*, 2001), que os qualifica, ao mesmo tempo, como frustrantes e compensadores: o grupo que se dedicou a garimpar genes associados com moléculas envolvidas no trânsito de substâncias pelas membranas celulares encon-

trou alguns; já o que procurou uma classe importante de sinais celulares, as quinases dependentes de ciclinas, saiu de mãos abanando, sem encontrar nem mesmo um gene que especificasse uma quinase que já não fosse descrita na literatura; por fim, e mais importante, não foram tampouco encontrados genes novos relacionados com tumores. Apesar disso, ao final do artigo, os autores reafirmam seu otimismo: “[...] há muitos tesouros não descobertos no presente conjunto de dados, esperando para serem encontrados por intuição, trabalho duro e verificação experimental. Boa sorte, e feliz caçada!” (Birney *et al.*, 2001, p. 828).

Uma das razões para essa frustração está sem dúvida no equacionamento historicamente feito por geneticistas entre *função biológica e especificação de proteína(s)*, raiz da própria noção de *código genético*. Até hoje é comum encontrar definições abreviadas de gene como um trecho de DNA que *codifica* uma proteína, o que há muito já deixou de fazer sentido pleno, pois há décadas se sabe que o DNA genômico pode também especificar, por exemplo, seqüências de RNA que nunca serão transportadas até ribossomos e traduzidas na língua das proteínas. Ora, uma das coisas que o seqüenciamento do genoma evidencia é que muito da complexidade dos vertebrados parece decorrer mais da sofisticação de um aparelho de *regulação* do genoma; a mera comparação das seqüências-rascunho com as de outras espécies revela, por exemplo, que eles se diferenciam de genomas mais “primitivos”, por exemplo, pela presença de *íntrons* (seqüências de DNA que não especificam aminoácidos para compor proteínas e que se intrometem entre os trechos especificadores, ditos *éxons*) muito mais longos, o que faz supor que eles tenham alguma função, sim, só que ainda não compreendida, possivelmente relacionada com a regulação da expressão gênica. Mesmo assim, os geneticistas permanecem fixados na definição histórica, gene = função = proteína, a ponto de reciclar a metáfora infeliz do *DNA-lixo* ou *DNA-tranqueira* (*junk DNA*) com a superimposição de outra metáfora (sinal/ruído), só um pouco menos depreciativa, oriunda da cibernética:

Quase todo o crescimento no tamanho dos genes em seres humanos, comparados com a mosca [drosófila] ou com o verme [*C. elegans*, um nematódeo], se deve ao fato de íntrons se tornarem muito mais longos (cerca de 50 kb [mil bases] contra 5 kb). Os éxons codificadores de proteínas, por outro lado, são aproximadamente do mesmo tamanho. Esse decréscimo na razão entre *sinial* (éxon) e *ruído* (íntron) no genoma humano conduz a falhas na previsão por estratégias computacionais de busca de genes (Birney *et al.*, 2001, p. 827; grifos meus).

Esse processo de localização, delimitação e associação funcional de genes é conhecido como *anotação* do genoma. O que fica evidente da publicação das seqüências rascunho em 2001, e mesmo da seqüência final em 2003, é que ainda não chegou a era

da biologia teórica, virtual, em que a pesquisa das variações funcionais — na saúde e na doença — se daria unicamente *in silico*. A anotação continua a depender do trabalho de laboratório para a validação de genes, que pode ter sido abreviada, mas nem por isso se tornou obsoleta; por outro lado, agora são dezenas de milhares de genes aguardando esse escrutínio. Computadores ainda não são capazes de separar confiavelmente ganga e piritá de ouro verdadeiro. Portanto, de volta à bancada:

Embora essas buscas ressaltem o poder da nova informação genética, elas também revelam limitações importantes. Em particular, que a existência de uma sequência gênica relacionada não significa que haja uma proteína correspondente: a sequência pode ser um pseudogene não expressado. [...] Estudos de expressão [gênica] serão necessários para complementar a informação genômica. Um alerta final é que muitos dos fatores são componentes de complexos com múltiplas subunidades. Às vezes o mesmo fator está presente em complexos múltiplos, cujas atividades diferem substancialmente. Portanto, o valor total da informação genômica só poderá ser realizado quando for acoplado com os estudos bioquímicos apropriados (Tupler; Perini & Green, 2001, p. 833).

Tais limitações são reconhecidas, de passagem, no próprio artigo do PGH na *Nature* (Lander *et al.*, 2001, p. 907, 913). Outros autores também se sentem compelidos a ressaltar a impossibilidade de analisar o genoma unicamente com meios computacionais (cf. Bork & Copley, 2001, p. 819; Galas, 2001, p. 1257, 1259). Alguns chegam mesmo a esboçar alguma exasperação com o predomínio da diáde seqüenciamento e bioinformática, como Tom Pollard, em citação numa das reportagens da *Nature*, temendo que esse predomínio possa procrastinar o necessário trabalho “úmido” (de laboratório) sem o qual a biologia será incapaz de completar sua compreensão da fisiologia (Butler, 2001b, p. 760), raciocínio que Pollard repete em seu próprio artigo na mesma *Nature*, no qual busca ir além da versão *Big Science* da biologia. “[A anotação] é um caso em que a ciência miúda renderá um produto melhor do que a abordagem industrial requerida para seqüenciamento” (Pollard, 2001, p. 843).

Não é possível para esses pesquisadores, que têm suas carreiras ancoradas na genômica, ir além da constatação das limitações e de tentar compensá-las com profissões de fé no potencial ainda por explorar. Essa atitude ambígua se manifesta de modo agudo com a constrangedora baixa quantidade de genes encontrada. Todos parecem surpresos com o fato de que as diferenças entre espécies não podem ser atribuídas somente aos genes, assim como a doença e a variação individual tampouco podem ser sempre correlacionadas com mutações em regiões “codificantes” (Rubin, 2001, p. 820; Peltonen & McKusick, 2001, p. 1225). A própria identificação e mapeamento de SNPs

(polimorfismos de nucleotídeo único, ou alterações de uma simples letra na sequência de DNA), grande esperança de a *Celeração* na descoberta de variações de genes associadas com moléstias, representa na realidade uma sofisticação nas técnicas tradicionais de mapeamento e clonagem de genes, pouco acrescentando em matéria de explicação – são mais marcadores precisos do que sítios de identidade em sentido estrito, pois menos de 1% dos encontrados impacta a função de proteínas (cf. Venter *et al.*, 2001, p. 1330). A única reação vigorosa ao aspecto “provocativo” do baixo número de genes, que chama de “aparente paradoxo do valor N ”, é de Claverie (2001), para quem o problema não está em N (número de genes), mas em k (a complexidade biológica da espécie humana, a seu ver superestimada). Ele nega que apenas uma abordagem sistêmica seja capaz de revelar os segredos do genoma e renova uma profissão de fé nas graças do reducionismo, argumentando que o DNA da espécie não é mais complexo do que um jato moderno, com suas 200.000 peças em interação (cujo comportamento nem por isso é descrito como não-determinístico): “Dessa maneira, eu *acredito* que o uso de simples modelos regulatórios hierárquicos [...] será mais uma vez suficiente para gerar rapidamente a maioria dos resultados significativos em genômica funcional” (Claverie, 2001, p. 1256; grifo meu).

Entretanto, Jean-Michel Claverie é uma voz isolada. A maioria dos que escrevem nas duas edições “históricas” da *Nature* e da *Science* pressente que há problemas à frente para essa estratégia de pesquisa, ainda que fique muito longe de desqualificá-la. Baltimore (2001, p. 815), com a autoridade de quem foi um crítico precoce do PGH e que na sua finalização se apresenta como um adepto sóbrio, resume bem essa duplicidade afirmando que a análise pós-sequenciamento permite responder muitas questões globais, mas que os detalhes – enfim, o que importa, em qualquer pesquisa e sobretudo no PGH – continuam em aberto:

[...] fica claro que não obtivemos nossa indubitável complexidade sobre vermes e plantas pelo uso de muito mais genes. Compreender o que de fato nos dá nossa complexidade – nosso enorme repertório comportamental, nossa capacidade de produzir ação consciente, nossa notável coordenação física (partilhada com outros vertebrados), nossas modificações finamente sintonizadas em resposta a variações externas do ambiente, nosso aprendizado, memória... preciso continuar? – permanece como um desafio para o futuro (Baltimore, 2001, p. 816).

Ocorre que a genômica não representa somente uma estratégia de pesquisa biológica, mas também um *sistema técnico* em formação, que começa a enfrentar dificuldades e resistências para além das instituições de pesquisa que lançaram suas sementes. Apesar de todo o entusiasmo dos investidores de risco com o binômio biotecnologia/

bioinformática no auge da bolha da alta tecnologia, simultâneo à divulgação das duas seqüências-rascunho do genoma humano, pelo menos dois artigos nas edições consideradas lançam alertas sobre dois pontos nevrálgicos: o problema da performance das *startups* de genômica (abordado na norte-americana *Science*) e o das patentes (na britânica *Nature*).

O alerta sobre o desempenho econômico parte de Malakoff e Service (2001) na seção noticiosa da *Science*. Eles abrem sua reportagem citando o anúncio das empresas *Millennium* e *Bayer*, em janeiro de 2001, com muita fanfarra, de um novo antitumoral que iniciaria testes clínicos de fase I (para verificar a segurança de um medicamento em poucas dezenas de voluntários, antes de estudos de eficácia e dosagem) apenas oito meses após a descoberta de um gene-alvo, uma economia de cerca de dois anos no processo habitual. As companhias apresentaram a nova droga como um “marco” da indústria. Eles ressaltam que o anúncio da *Millennium* e da *Bayer* poderia mesmo ser um sinal de que a genômica começava enfim a cumprir suas promessas, mas recomendam cautela: “Essas alegações expansivas não são incomuns na indústria da biotecnologia, que por mais de uma década tem exagerado o potencial gerador de lucros do seqüenciamento do genoma humano, apenas para ver muitas dessas alegações naufragarem num mar de tinta vermelha” (Malakoff & Service, 2001, p. 1193). Os autores discriminam três ramos principais de atividade: empresas produtoras de *ferramentas* (chips de DNA, seqüenciadores); descobridoras de genes (*genômica*) e distribuidoras de *informação*; e que desenvolvem *medicamentos*. Na sua avaliação, as oportunidades de negócios, nessa fase de implantação do setor, concentram-se no primeiro tipo de empresa.

Quanto aos outros dois tipos de empresa, muitas delas formadas por pesquisadores no calor do entusiasmo pioneiro, o texto lança mão de uma apreciação cautelosa que se revelaria profética:

[...] as companhias ainda precisam mostrar que podem seguir adiante assim tão rapidamente, de maneira rotineira e sustentada. Mesmo assim, alguns observadores estão céticos quanto à agilidade precoce traduzir-se em ciclos substancialmente mais curtos de desenvolvimento de medicamentos, pois grandes atrasos com frequência ocorrem durante testes clínicos e no processo regulatório (Malakoff & Service, 2001, p. 1203).

No início de 2002, Craig Venter deixou a presidência da *Celera Genomics*, que buscava reorientar-se para a área de desenvolvimento de medicamentos, diante da baixa rentabilidade do modelo informacional. No ano seguinte seria a vez de outro pesquisador-empresário, William Haseltine, da *Human Genome Sciences*, perder seu posto de

direção. De acordo com Nightingale & Martin, a propalada revolução biotecnológica anunciada pela genômica não passaria de um mito, pois os dados sobre inovações efetivamente obtidas por ela sugerem muito mais que esteja seguindo o conhecido ritmo incremental de substituição de tecnologias, que em geral nada tem de revolucionário:

O impacto limitado de biofármacos no sistema de saúde foi recentemente assinalado por Arundel e Mintzes, usando dados do sistema Prescrire, o qual (diferentemente dos dados da FDA) avalia o desempenho de novos medicamentos em relação a terapias preexistentes. Tais dados sugerem que, apesar dos gigantescos investimentos, apenas 16 biofármacos avaliados entre janeiro de 1986 e abril de 2004 foram considerados melhores do que “aperfeiçoamentos mínimos” diante de terapias preexistentes. Tomadas em seu conjunto, essas evidências empíricas não oferecem apoio algum para a noção de que tenha ocorrido uma revolução biotecnológica (Nightingale & Martin, 2004, p. 566).

A questão das patentes, por sua vez, é tocada de passagem num *box* de reportagem na *Science*, em que se chama a atenção para o fato de que uma das consequências do baixo número de genes “codificantes” no genoma humano será um acirramento das expectativas patentárias, pois a mesma legião de pesquisadores candidatos a capitalistas estará competindo pelos direitos de propriedade intelectual sobre um número menor de “bens” genômicos potencialmente correlacionáveis com funções biológicas – um pouco como os títulos de direitos de mineração se empilham sobre as mesmas áreas na Amazônia brasileira, analogia tanto mais justificada por estarem todos esses cientistas metidos, como garimpeiros de genes, numa verdadeira corrida pelo ouro genômico. Essa, aliás, é a primeira constatação do artigo de Bobrow & Thomas na *Nature*: a percepção pública de que a proteção patentária sobre seqüências de DNA está cada vez mais remunerando a pura sorte – ou a velocidade⁵ – e não tanto a inventividade. Eles também apontam a problemática da superposição de direitos sobre um mesmo trecho de DNA, que só é boa para a proliferação de processos judiciais e de escritórios de advocacia especializados, não para remunerar e assim incentivar o dispendioso desenvolvimento eficaz de medicamentos, argumento-padrão em favor da patentabilidade dos genes. Os autores alertam para a possibilidade de que o conflito latente entre o interesse geral da sociedade e o de pesquisadores-empresários acabe por macular a reputação do campo de pesquisa como um todo, o que tem potencial para ameaçar o apoio político e financeiro de que a genômica necessita para seguir adiante:

5 “Speed matters” (velocidade é importante) era a divisa da empresa *Celera*.

Na ausência de ação legislativa séria, as políticas têm evoluído em certa medida por meio de um diálogo no seio de um círculo limitado de participantes. Interesses comerciais, que são bem representados nos escritórios de patentes, não têm sido contrabalançados por aqueles que representam os interesses mais amplos do público. O resultado tem sido uma tendência inata do sistema patentário para “deslizar” na direção de estender a patentabilidade a invenções biotecnológicas para as quais os limiares de novidade, inventividade e utilidade foram rebaixados (Bobrow & Thomas, 2001, p. 763).

Tal ameaça aos interesses continuístas do sistema técnico genômico não entram somente no radar de profissionais do questionamento como Sandy Thomas, diretora do *Nuffield Council on Bioethics*, do Reino Unido. Na *Science*, o tema é abordado, entre outros, por dois senadores norte-americanos, um republicano e outro democrata – como para demonstrar que o genoma humano (ou melhor, a genômica) está acima de preocupações terrenas, como a política partidária: “[...] o público precisa entender as *novas tecnologias*, de modo a que temores infundados não se desenvolvam e retardem o *progresso*” (Jeffords & Daschle, 2001, p. 1251; grifos meus). As centenas de autores do artigo do PGH na *Nature* também sentiram a necessidade de incluir nele um reconhecimento de que se faz necessária uma readequação do seu campo de pesquisa no imaginário social: “Precisamos estimular expectativas realistas de que os benefícios mais importantes não serão colhidos da noite para o dia” (Lander *et al.*, 2001, p. 914).

Essa mesma preocupação reapareceria três anos depois na edição comemorativa do periódico *Nature* dos 50 anos da dupla hélice, em longo artigo sobre o futuro da genômica. A percepção de que a distância entre promessas e realizações pode voltar-se contra a boa imagem da genômica aparece de forma oblíqua sob a rubrica da educação do público:

Adentramos uma singular ‘era educável’ em relação à genômica; profissionais de saúde e o público estão crescentemente interessados em aprender sobre genômica, mas a sua aplicação generalizada à saúde ainda está vários anos à frente. Para que o cuidado à saúde baseado em genômica tenha o máximo de eficácia, quando for amplamente factível, e para que os membros da sociedade tomem as melhores decisões sobre os usos da genômica, precisamos tirar proveito agora dessa oportunidade única de aumentar o entendimento (Collins *et al.*, 2003a, p. 841).

4 REPOSICIONAMENTO ESTRATÉGICO: GENOMAS PARA TUDO

O texto de Collins *et al.* (2003a) publicado na época da real finalização do genoma, quando este deixa de ser um mero rascunho, é uma peça muito clara em seu objetivo de intervenção na esfera pública tecnocientífica com o propósito de justificar a biologia como *Big Science* e de manter e ampliar a hegemonia genômica em pesquisa biológica (aí incluídos derivados como proteômica, transcriptômica, regulômica, metabolômica e outros termos que possam surgir nessa algo cômica proliferação de neologismos). Propósitos similares inspiram texto correlato publicado na mesma época na concorrente *Science*, de autoria dos líderes das três principais entidades promotoras do PGH (Institutos Nacionais de Saúde e Departamento de Energia, nos Estados Unidos, e o *Wellcome Trust*, no Reino Unido), respectivamente Francis Collins, Aristides Patrinos e Michael Morgan. Apesar do determinismo genético um tanto mitigado – fala-se somente em seqüências genômicas que “guiam” e “influenciam” desenvolvimento e função biológicos (Collins *et al.*, 2003a, p. 835, 844), não em *causas* de doenças genéticas –, o vocabulário de ambos os textos permanece hiperbólico como nos idos de 2001: *revolução, nova era, aventura, visionários, escala monumental, benefícios eternos, desafio científico entusiasmante* etc. Com todas as referências de praxe ao papel da interação com o ambiente e à complexidade inerente ao genoma, o que interessa é assegurar o fluxo de verbas, para que a promessa possa enfim ser cumprida:

Os milhões de pessoas em todo o mundo que apoiaram nossa aventura para seqüenciar o genoma humano o fizeram na expectativa de que ele beneficiaria a humanidade. Agora, na alvorada da era genômica, torna-se crítico carrear a mesma intensidade para a derivação de benefícios do genoma que tem caracterizado o esforço histórico para obter a seqüência. *Se o apoio à pesquisa prosseguir em níveis vigorosos, nós imaginamos que a ciência genômica logo começará a revelar os mistérios dos fatores hereditários da doença cardíaca, do câncer, do diabetes, da esquizofrenia e de uma série de outras condições* (Collins *et al.*, 2003b, p. 290; grifos meus).

Em 2003, no entanto, a conjuntura mundial era inteiramente outra, após a eleição de George W. Bush, o 11 de Setembro, a Guerra do Afeganistão e o início da Guerra do Iraque. Desaparecem, por exemplo, as muitas referências ao PGH como esforço internacional. O Reino Unido, de sua parte, busca capitalizar ao máximo, nas comemorações oficiais do cinqüentenário da dupla hélice, o fato de a descoberta ter acontecido no laboratório Cavendish da Universidade de Cambridge. O único resquício daquele internacionalismo anti-*Celera* é o artigo conjunto dos próceres do PGH na *Science*, mas

uma leitura mais atenta indica que os textos mais relevantes para o futuro da genômica, nas duas edições de abril de 2003, são o de Collins e seus colegas do Instituto Nacional de Pesquisa do Genoma Humano (NHGRI) dos Estados Unidos, na *Nature*, e o de cinco autores do Departamento de Energia (DOE) na *Science* (Frazier *et al.*, 2003). O panorama que sobressai é o de uma espécie de Tratado de Tordesilhas genômico, uma redivisão dos territórios de pesquisa e seqüenciamento entre NHGRI (grosso modo, saúde humana e genômica comparada de espécies animais) e DOE (genômica voltada para ambiente e energia, com microrganismos e plantas).

Com uma capacidade instalada de seqüenciamento para empreender solitariamente a soletração de 15 a 20 genomas do porte do humano em cinco anos (Collins *et al.*, 2003a, p. 844), o NHGRI adquiriu *momento* tecnológico suficiente para passar a concorrer com seus antigos parceiros estrangeiros, em particular com os britânicos (*Sanger Centre* e *Wellcome Trust*). Seus luminares traçam um plano continuísta para o futuro em que a metáfora do Livro da Vida é substituída, implicitamente, pela de um Edifício da Vida, em que o PGH é rebaixado à condição de mero alicerce para erguer três andares sucessivos: *Genômica para a biologia*, *Genômica para a saúde* e *Genômica para a sociedade* (Collins *et al.*, 2003a, p. 836). Primeiro piso: o objetivo é entender a arquitetura do próprio genoma, compilando um catálogo de todos os seus elementos funcionais (e não somente genes no sentido “codificante”). Segundo piso: aplicar as informações estruturais do genoma na caracterização de doenças, de modo a criar uma nova taxonomia, molecular, das mesmas, assim como desenvolver novas abordagens terapêuticas. Terceiro piso: projetar conhecimentos genômicos para além do contexto clínico, extraindo conclusões nos campos racial, étnico e comportamental e debatendo as conseqüências e limites éticos desses usos.

Neste último andar (*Genômica para a sociedade*) ouvem-se até mesmo ecos do controverso programa sociobiológico de Edward O. Wilson, em meados dos anos 1970, de fundamentar as ciências humanas na biologia e nos invariantes do comportamento humano fixados pela evolução, retomado triunfalmente, décadas depois, no não menos polêmico livro *Consiliência* (Wilson, 1999). Afirmam os autores que a nova disciplina tem potencial para fazer a ciência social avançar:

[...] a genômica pode também contribuir para outros aspectos da sociedade. Assim como o PGH e desenvolvimentos relacionados semearam novas áreas de pesquisa em biologia básica e saúde, também criaram oportunidades para pesquisa sobre questões sociais, mesmo no que abarca a compreensão mais completa de como definimos a nós mesmos e aos outros (Collins *et al.*, 2003a, p. 843).

Não por acaso, o programa apresentado pelos autores do DOE na *Science* vem batizado como *Genomas para a vida* (Frazier *et al.*, 2003, p. 290), como se fosse um quarto andar no edifício do NHGRI, ou quem sabe um prédio vizinho. O projeto aqui é estender as malhas da genômica a dois campos cruciais para a sustentabilidade da economia em sua relação com a natureza, energia de fontes limpas e saneamento ambiental, com o seqüenciamento de plantas e até de comunidades inteiras de microrganismos, na esperança de aprender com eles soluções bioquímicas ancestrais para o enfrentamento de condições ambientais extremas: “Um objetivo central deste programa é entender tão bem micróbios e comunidades de micróbios, assim como suas máquinas moleculares e controles no plano molecular, que possamos usá-los para satisfazer *necessidades nacionais* e do DOE” (Frazier *et al.*, 2003, p. 291; grifo meu). Em lugar de um patrimônio comum da humanidade (a informação contida no genoma humano) e um imperativo moral (seqüenciar o genoma para curar doenças), a biologia modelo *Big Science* começa a transferir-se para o domínio da justificação com base num conjunto de valores então mais em voga – a segurança nacional dos Estados Unidos: “conhecimento é poder, e nós precisamos desenvolver uma compreensão ampla dos sistemas biológicos, se pretendermos usar suas capacidades eficazmente para enfrentar desafios sociais tremendos” (Frazier *et al.*, 2003, p. 293).

O novo aliado dos homens do DOE são os antigos “inimigos”, Craig Venter e seus colaboradores da *Celera*, abrigados agora no Instituto para Alternativas Biológicas de Energia fundado pelo egresso da presidência da empresa *Celera* com finalidades, não por coincidência, muito próximas do programa Genomas para a vida, como se pode ler em seu sítio de internet:

O Instituto para Alternativas Biológicas de Energia (IBEA) é uma instituição baseada em pesquisa dedicada a explorar soluções para o seqüestro de carbono usando micróbios, vias metabólicas de micróbios e plantas. Por exemplo, a genômica pode ser aplicada para aperfeiçoar a capacidade de comunidades microbianas terrestres e oceânicas de remover carbono da atmosfera. O IBEA vai desenvolver e usar vias e metabolismo microbianos para produzir combustíveis com conteúdo energético aumentado de uma maneira ambientalmente saudável. O IBEA vai empreender engenharia genômica para entender melhor a evolução da vida celular e como esses componentes da célula funcionam conjuntamente num sistema vivo <bioenergyalts.org>.

Um dos primeiros resultados dessa parceria IBEA/DOE foi anunciado em abril de 2004: o seqüenciamento simultâneo dos genomas de todos os microrganismos encontrados numa amostra de água do Mar dos Sargaços, número estimado de pelo menos

1.800 espécies (mínimo de 148 desconhecidas), genomas entre os quais a equipe liderada pelo IBEA garimpou mais de 1,2 milhão de genes inéditos para a biologia molecular, identificados com base unicamente em análise por métodos computacionais (cf. Venter *et al.*, 2004, p. 66), dos quais nada menos que 782 estão provavelmente envolvidos na especificação de proteínas fotorreceptoras e, portanto, no aproveitamento da luz solar.

Tanto para a saúde humana quanto para a do ambiente planetário, teve início, sim, uma nova era – a da genômica por atacado. Resta saber se, a exemplo das dificuldades do PGH, ela vai poder entregar tudo o que promete, ou se as novas expectativas criadas não equivalem a uma fuga para a frente, uma amplificação da retórica maximalista que sempre serviu, e bem, à marcha da biologia molecular em busca de hegemonia.

5 A SALVAÇÃO PELO CONTROLE

A biologia molecular e a genômica, em particular, representam o ápice da extensão ao domínio da biologia da *estratégia materialista* e da *valorização moderna do controle* de que fala Lacey (cf. 1998; 1999) e que antes fora tão bem-sucedida nos campos da física e da química, por exemplo. Diferentemente destas, porém, não se pode dizer que a estratégia materialista em genômica tenha engendrado propriamente teorias e leis cuja aceitação e legitimação pudessem alimentar pretensões de universalidade, pois essa é mais a expectativa dos biólogos moleculares em relação a essa nova disciplina de investigação: que o acúmulo de informações genômicas de várias espécies e o aperfeiçoamento dos métodos matemático-computacionais de análise acabem por conduzir à formalização de leis biológicas propriamente ditas e com base nelas à capacidade de predição com precisão e, portanto, de controle sobre sistemas naturais vivos. O determinismo genético que inspira aberta ou implicitamente muitos de seus esforços, por exemplo, não chega a erigir-se em teoria; quando muito, deve ser encarado como um *hábito* ou *esquema* de pensamento que pode ter sido heurístico, em outros tempos, mas que tem uma longa e controversa história – basta dizer que um de seus arrimos, a noção de fluxo unidirecional de informação no sentido $DNA \rightarrow RNA \rightarrow proteína$, recebeu de seu próprio criador, Francis Crick, o apelido de “dogma central da biologia molecular” (como que para marcar a distância enorme em que se encontrava de uma verdadeira lei natural).

O que vem exposto nos itens anteriores deste artigo deve bastar para deixar evidente o quanto a genômica se encontra distante de tornar-se uma teoria e quanto o corpo de seus escritos explicativos extrapola a prosa científica estrita para enveredar num discurso de tipo misto, que cumpre a dupla função de apresentar resultados parciais de esforços de pesquisa bilionários e de justificar sua existência com base em benefícios futuros. Como não pode – ainda, dirão seus defensores – apoiar-se firme-

mente em resultados de sua aplicação, pois eles são muito incipientes (ao menos na comparação com as promessas hiperbólicas), o discurso sobre/a favor da genômica tende a recorrer à construção de uma espécie de mitologia molecular em que a própria genealogia do campo é reconstruída como uma história de proporções épicas, ao longo do percurso Mendel → Watson e Crick → PGH e *Celera*. Como não podem falar a partir da superioridade conferida pela universalidade das leis e corroborada pelo binômio aplicabilidade/controlado, seus pesquisadores se encastelam numa espécie de elevação moral e ética, a partir da qual lançam *razzias* punitivas contra aqueles – biólogos ou não – que apontam problemas na estratégia materialista e/ou na valorização do controle, quando aplicadas a sistemas vivos, uma classe de objetos que parece particularmente resistente a essa abordagem (o que não quer dizer que sejam, por princípio, refratários a ela).

Os textos de pesquisadores próximos do PGH, por exemplo, manifestam o propósito claro de monopolizar esse bastião de superioridade ética e dele expulsar aqueles que, em sua ótica, aparecem como aventureiros argentários, da estirpe de Craig Venter, retratando-se a si mesmos como cavaleiros do Graal da biologia em defesa de sua preservação para o bem da humanidade, ou seja, a publicação imediata das seqüências de DNA obtidas para que possam ser utilizadas por pesquisadores de qualquer parte do mundo (e inimigos, portanto, da noção proprietária de conhecimento que inspirou a formação da empresa *Celera*). Essa é evidentemente uma visão simplista dos interesses envolvidos, pois a teia de relações que entrelaça pesquisa financiada com recursos públicos, patentes e empresas privadas tem vários pontos de contato com centros e pesquisadores do PGH, como lembra Eliot Marshall (2001, p. 1191) num texto noticioso da *Science*: cientistas do Instituto Whitehead, um dos cinco maiores centros de seqüenciamento do PGH, participam, por exemplo, de um consórcio com as empresas *Affymetrix*, *Bristol-Myers Squibb* e *Millennium* para empacotar informação genômica em chips de DNA. A parceria pós-PGH firmada pelo Departamento de Energia com o IBEA de Craig Venter, e ainda por cima para garimpar genes de imediato interesse industrial, demonstra que não são nada claras as linhas divisórias entre forças “do bem” e “do mal”, nesse campo.

Um dos mais destacados militantes da propaganda genômica é sem dúvida James Watson, e deveria ser motivo de preocupação para os biólogos moleculares que ele seja sua figura mais reconhecida e ouvida – não só por sua personalidade excêntrica e midiática, mas também porque, como autor, ele busca empregar todos os canais disponíveis para propagar a mensagem pró-genômica e, no seu caso, também pró-determinista. Se é verdade que as edições da *Nature* e da *Science* examinadas acima não contêm nem um texto sequer de sua lavra, também é fato que há escritos seus para todos os gostos e propósitos: livro-texto (*Molecular biology of the gene*), autobiografias (*The double*

helix e *Genes, girls, and Gamow*), coletâneas de ensaios (*A passion for DNA*), livros de divulgação científica (*DNA – The secret of life*), sítios na internet <www.dnai.org> e DVD para uso no ensino secundário (*DNA – The secret of life*). Em seus escritos que, por sua natureza e público, dispensam muitas amarras do discurso científico nas revistas especializadas, Watson pode permitir-se uma latitude de retórica inadmissível na prosa técnica. Em sua expansividade, e apesar de deplorar a mistura de ideologia com ciência (Watson & Berry, 2003, p. 372), o “estadista” da biologia molecular eleva a mescla de valores cognitivos com valores sociais a um patamar inédito, no qual o genoma se torna artigo de fé, o Livro da Vida que substituiria, com vantagem, a Bíblia e a Torá:

Aqueles de nós que não sentem necessidade de um código moral anotado nalgum tomo antigo podem lançar mão, na minha opinião, de uma intuição moral inata, há muito moldada pela seleção natural, que promoveu a coesão social em grupos de nossos antepassados. [...] Poderia acontecer de, à medida que o conhecimento genético crescer nos séculos vindouros, com mais e mais indivíduos alcançando o entendimento de si mesmos como produtos de lances aleatórios de dados [...], vir a ser santificada uma nova gnose, muito mais antiga, na realidade, do que as religiões de hoje. Nosso DNA, o livro de instruções da criação humana, pode bem vir a rivalizar com escrituras religiosas como o guardião da verdade (Watson & Berry, 2003, p. 404).

O corolário de ser esse livro sagrado mero fruto do acaso é que tal religião se revelaria também uma religião pragmático-libertária, que teve seu primeiro advento na descoberta da dupla hélice (1953, com Watson e Crick) e o segundo na invenção dos meios para decifrá-la e modificá-la (1973, com Cohen e Boyer), quando os homens de ciência passam a comungar na graça do *controle*: “Chegara o tempo de tornar-se pró-ativo. Bastava de observações: nós estávamos sendo chamados pela perspectiva da intervenção, da manipulação de coisas vivas. O advento das tecnologias de DNA recombinante, e com elas da capacidade de talhar moléculas de DNA, tornaria tudo isso possível” (Watson & Berry, 2003, p. 85).⁴⁹

Marcelo LEITE

Doutor em Ciências Sociais pela
Universidade Estadual de Campinas, Brasil.
Ciência em Dia <www.cienciaemdia.zip.net>
mleite@post.harvard.edu

ABSTRACT

The popularity obtained by the Human Genome Project is closely related to the political and rhetorical uses of *genetic determinism*, a notion which increasingly cannot be reconciled with the empirical results of on-going genomic research. The complexity that has been uncovered in the human genome and in its interactions with the environment implies that a simple and unidirectional notion of causality cannot be maintained, contrary to a presupposition of the idea of the gene as the sole carrier of *information*, an idea that contributes to sustain the doctrine of genetic determinism. However, a complex of informational and/or linguistic metaphors lives on in the texts published by molecular biologists in the scientific press, most notably in the issues published February 15th and 16th of 2001 by the high impact journals *Nature* and *Science*, respectively. These metaphors generate an ambiguous type of discourse that modulates various nuances of deterministic rhetoric, depending on whether it addresses peers or the lay public. Critics of technoscience should challenge the field of genomics to drastically reshape the metaphors which have supported its hegemonic research agenda.

KEYWORDS • Human Genome Project. Philosophy of science. Genetics. Biotechnology. Molecular biology.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BALTIMORE, D. Our genome unveiled. *Nature*, 409, 6822, p. 814-6, 15 Feb. 2001.
- BIRNEY, E. et al. Mining the draft human genome. *Nature*, 409, 6822, p. 827-8, 15 Feb. 2001.
- BOBROW, M. & THOMAS, S. Patents in a genetic age. *Nature*, 409, 6822, p. 763-4, 15 Feb. 2001.
- BORK, P. & COPLEY, R. Filling in the gaps. *Nature*, 409, 6822, p. 818-20, 15 Feb. 2001.
- BUTLER, D. Publication of human genomes sparks fresh sequence debate. *Nature*, 409, 6822, p. 747-8, 15 Feb. 2001a.
- _____. Are you ready for the revolution? *Nature*, 409, 6822, p. 758-60, 15 Feb. 2001b.
- CHAKRAVARTI, A. ... to a future of genetic medicine. *Nature*, 409, 6822, p. 822-3, 15 Feb. 2001.
- CLAVERIE, J. M. What if there are only 30,000 human genes? *Science*, 291, 5507, p. 1255-7, 16 Feb. 2001.
- COLLINS, F. et al. A vision for the future of genomics research. A blueprint for the genomic era. *Nature*, 422, 6934, p. 835-47, 24 Apr. 2003a.
- _____. The Human Genome Project: lessons from large-scale biology. *Science*, 300, 5617, p. 286-96, 24 Apr. 2003b.
- DENNIS, C. et al. Everyone's genome. *Nature*, 409, 6822, p. 813, 15 Feb. 2001.
- DULBECCO, R. *Os genes e o nosso futuro*. Tradução M. M. Lichaa. São Paulo: Best Seller, 1997.
- FRAZIER, M. et al. Realizing the potential of the genome revolution. The genomes to life program. *Science*, 300, 5617, p. 290-93, 11 Apr. 2003.
- GALAS, D. J. Making sense of the sequence. *Science*, 291, 5507, p. 1257-60, 16 Feb. 2001.
- HUMAN genomes, public and private. *Nature*, 409, 6822, p. 745, 15 Feb. 2001. Editorial.
- JEFFORDS, J. M. & DASCHLE, T. Political issues in the genome era. *Science*, 291, 5507, p. 1249-51, 16 Feb. 2001.
- JUDSON, H. F. *The eighth day of creation. Makers of the revolution in biology*. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1996.
- _____. Talking about the genome. *Nature*, 409, 6822, p. 769, 15 Feb. 2001.
- KAY, L. E. *Who wrote the book of life? A history of the genetic code*. Stanford: Stanford University Press, 2000.

- KEVLES, D. J. & HOOD, L. (Ed.). *The code of codes. Scientific and social issues in the Human Genome Project*. Cambridge: Harvard University Press, 1993.
- LACEY, H. *Valores e atividade científica*. São Paulo: Discurso Editorial, 1998.
- _____. *Is science value free?* New York: Routledge, 1999.
- LANDER, E. S. et al. Initial sequencing and analysis of the human genome. *Nature*, 409, 6822, p. 860-921, 15 Feb. 2001.
- LEWONTIN, R. C. In the beginning was the word. *Science*, 291, 5507, pp. 1263-4, 16 Feb. 2001.
- LEWONTIN, R. C.; ROSE, S. & KAMIN, L. J. *Not in our genes: biology, ideology, and human nature*. New York: Pantheon Books, 1985.
- LINDEE, M. S. Watson's world. *Science*, 300, 5618, p. 432-4, 18 Apr. 2003.
- MALAKOFF, D. & SERVICE, R. F. Genomania meets the bottom line. *Science*, 291, 5507, p. 1193-203, 16 Feb. 2001.
- MARSHALL, E. Sharing the glory, not the credit. *Science*, 291, 5507, p. 1189-93, 16 Feb. 2001.
- MCGUFFIN, P.; RILEY, B. & PLOMIN, R. Toward behavioral genomics. *Science*, 291, 5507, p. 1232-49, 16 Feb. 2001.
- NIGHTINGALE, P. & MARTIN, P. The myth of the biotech revolution. *Trends in Biotechnology*, 22, 11, p. 564-9, Nov. 2004.
- OLBY, R. *The path to the double helix*. New York: Dover, 1994.
- OLSON, M. V. Clone by clone by clone. *Nature*, 409, 6822, p. 816-8, 15 Feb. 2001.
- PÄÄBO, S. The human genome and our view of ourselves. *Science*, 291, 5507, p. 1219-20, 16 Feb. 2001.
- PELTONEN, L. & MCKUSICK, V. A. Dissecting human disease in the postgenomic era. *Science*, 291, 5507, p. 1224-9, 16 Feb. 2001.
- PENNISI, E. The human genome. *Science*, 291, 5507, p. 1177-80, 16 Feb. 2001.
- POLLARD, T. D. Genomics, the cytoskeleton and motility. *Nature*, 409, 6822, p. 842-3, 15 Feb. 2001.
- ROBERTS, L. Controversial from the start. *Science*, 291, 5507, p. 1182-8, 16 Feb. 2001.
- RUBIN, G. M. Comparing species. *Nature*, 409, 6822, p. 820-1, 15 Feb. 2001.
- SCHRÖDINGER, E. *¿Qué es la vida?* Tradução R. Guerrero. Barcelona: Tusquets, 1997.
- TUPLER, R.; PERINI, G. & GREEN, M. Expressing the human genome. *Nature*, 409, 6822, p. 832-3, 15 Feb. 2001.
- VENTER, J. C. et al. The sequence of the human genome. *Science*, 291, 5507, p. 1304-51, 16 Feb. 2001.
- _____. Environmental genome shotgun sequencing of the Sargasso Sea. *Science*, 304, 5667, p. 66-74, 2 Apr. 2004.
- VOGEL, G. Watching genes build a body. *Science*, 291, 5507, p. 1181, 16 Feb. 2001.
- WATSON, J. D. *A passion for DNA*. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2000.
- WATSON, J. D. & BERRY, A. *DNA. The secret of life*. New York: Alfred Knopf, 2003.
- WATSON, J. D. & CRICK, F. H. C. A structure for deoxyribose nucleic acid. *Nature*, 171, 4356, p. 737-8, 25 Apr. 1953.
- WILSON, E. O. *A unidade do conhecimento. Consiliência*. Tradução I. Korylowski. Rio de Janeiro: Campus, 1999.