

INSTRUMENTOS DE POLÍTICA DE CIÊNCIA E TECNOLOGIA EM GENÔMICA DO ESTADO DE SÃO PAULO¹

Renan Gonçalves Leonel da Silva

Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP)

Maria Conceição da Costa

Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP)

INSTRUMENTOS DE POLÍTICA DE CIÊNCIA E TECNOLOGIA EM GENÔMICA NO ESTADO DE SÃO PAULO

Resumo: O trabalho tem como objetivo "rastrear" as bases do regime de produção científica em genômica, mostrando como ela se efetivou em políticas públicas no Estado de São Paulo. Assim, apresenta alguns programas de C&T em genômica, criados no estado, com foco na Rede ONSA e no Projeto Genoma Humano do Câncer Ludwig/FAPESP, que se mostraram centrais para as propostas desse trabalho. Por fim, faz uma análise do aprendizado que essa experiência pode proporcionar para o planejamento de políticas públicas, que chamaram a atenção para o debate sobre o papel contemporâneo da ciência e da tecnologia na orientação de agendas políticas. Ressalta, ainda, que o conhecimento da complexidade de um sistema de produção científica (e suas origens) é fundamental para se estabelecer políticas adequadas e organizar uma agenda eficaz de difusão tecnológica.

Palavras-chave: Genômica, política de C&T, Estado de São Paulo.

INSTRUMENTS OF SCIENCE AND TECHNOLOGY POLICY ON GENOMICS IN THE STATE SÃO PAULO

Abstract: The objective of this work is to "trace" the foundations of scientific production in genomics, showing how it was accomplished in public policies in the State of São Paulo. We present some Science and Technology programs in genomics created in the State, focusing on the ONSA Network and the Cancer Human Genome Project Ludwig / FAPESP, which were central to the proposals of this work. We conclude the article with an analysis of the learning experience that can provide for the planning of public policies, which drew attention to the debate on the contemporary role of science and technology in the direction of political agendas. The knowledge of the complexity of a system of scientific (and its origins) is essential to establish appropriate policies and organize an effective technological diffusion agenda.

Key words: Genomics, S&T policy, São Paulo State.

Recebido em: 16.02.2012. Aprovado em: 11.06.2012.

1 INTRODUÇÃO

As escolhas feitas pela comunidade científica é um elemento decisivo para se entender o formato institucional e os conceitos predominantes na agenda da política de ciência e tecnologia brasileira. Na área de estudos sobre genoma, pouco tem sido estudado a respeito da organização e do conteúdo das ações em C&T direcionadas a esse campo específico no país nos últimos dez anos. Internacionalmente, o campo ganha destaque a partir dos anos 1980, sobretudo pelos avanços dos projetos de sequenciamento genético de uma diversidade de organismos.

Essa nova forma de fazer pesquisa reconfigurou os rumos da comunidade científica em relação às áreas prioritárias para a formulação de programas e para o destino de recursos financeiros para pesquisa. Esse embate definiu uma agenda heterogênea e diversificada sobre a orientação da pesquisa genética no Brasil. A análise sequencial do genoma humano emergiu como a linha “mainstream” dos pesquisadores do país, convivendo com outras vertentes mais tradicionais em universidades, laboratórios (públicos e privados) e centros de pesquisa nacionais e internacionais, principalmente localizados no Estado de São Paulo.

De maneira geral, o que se viu foi uma orientação da política de C&T no Estado de São Paulo, preocupada com o desenvolvimento de uma infraestrutura científica e tecnológica que estimulasse a pesquisa de fronteira em genômica e biologia molecular, principalmente àquelas aplicadas a áreas da medicina, como as pesquisas sobre Câncer (oncogenômica), por exemplo.

Foi possível observar esse direcionamento pelo aumento do número de projetos de pesquisa no fim dos anos 1990, que propunham investigações baseadas na estrutura genética do Câncer – submetidos em grande parte pelas universidades estaduais como a USP, UNICAMP e UNESP, por exemplo.

Esse movimento foi observado principalmente pela atuação da FAPESP – Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado de São Paulo, cujo programa de política de C&T na área contou com a criação de alguns mecanismos práticos de organização da pesquisa no Estado. Foi o caso da rede ONSA (Organisation for Nucleotide Sequence and Analysis), que financiou projetos científicos de larga escala na área, como o Projeto Genoma Humano do Câncer, de 2001, levado adiante por uma parceria da FAPESP com uma instituição privada de pesquisas (o Instituto Ludwig de Pesquisas sobre o Câncer), que financiaram um projeto de cerca de 12 milhões de dólares.

Este artigo tem um duplo objetivo. Há uma preocupação em “rastrear” as bases do regime de produção científica em genômica, em estreita relação

com a ascensão da análise sequencial no campo da biologia molecular nos anos 1960, mostrando como a pesquisa brasileira incorporou o novo regime de produção do conhecimento na área da “genomics”. Assim, busca-se fazer uma análise dos programas de C&T na área de genômica atuantes no Estado de São Paulo, de forma a interpretar a orientação da política como condicionada pelas escolhas e trajetórias da comunidade científica. O foco do trabalho será demonstrar como a mediação da política científica e tecnológica nesse campo é um fenômeno negociado, situado e dependente de um contexto de política anterior (path dependence). A área de pesquisa sobre o câncer – e a incursão da oncogenômica, é privilegiada como foco de análise.

A localização da pesquisa genética sobre a doença no Estado de São Paulo não pode ser entendida como fenômeno meramente espontâneo. As bases da sua articulação em forma de rede, o histórico da pesquisa e o peso dos instrumentos de C&T já atuantes no estado, configuraram uma plataforma específica para a área no Brasil.

Pensa-se, assim, nos elementos e conceitos que estão presentes no planejamento de uma política de C&T em genômica no Estado de São Paulo, que alavancam os anseios da comunidade científica paulista de assumir a dianteira na área da biotecnologia. O conhecimento da complexidade de um sistema de produção científica é fundamental para se estabelecer políticas adequadas e organizar uma agenda eficaz de difusão tecnológica.

Este artigo está dividido em três partes, além dessa breve introdução. Num primeiro momento, apresento uma breve trajetória do regime de produção científica em sequenciamento genético e a condução para o mapeamento do genoma humano. Em seguida, há uma preocupação em observar algumas políticas de C&T do Estado de São Paulo na área de pesquisas sobre genoma, com foco na Rede ONSA e no Projeto Genoma do Câncer Ludwig/FAPESP, que se mostraram centrais para as propostas do trabalho.

Concluo o artigo com uma análise dos instrumentos e conceitos norteadores do planejamento de política, que chamem atenção para o debate sobre o conteúdo dessa nova configuração e para os objetivos implícitos que ela busca atender – como internacionalização da ciência brasileira, o foco no discurso da inovação e a criação de bases high-tech em biotecnologia humana no país.

2 O PARADIGMA DA ANÁLISE SEQUENCIAL E A “ONDA” DE ESTUDOS SOBRE O GENOMA HUMANO

Os estudos sobre genoma, e sua sistematização na forma de grandes bancos de dados, não é uma prática recente na história da biologia molecular. Foi nos anos 1960 que se

inaugurou essa prática específica na pesquisa em biologia molecular. Esta reorientou, sobremaneira, a principal base de dados e informações sobre a estrutura e a função do DNA.

A geração de modelos computacionais utilizados para o sequenciamento genético apareceu pela primeira vez no trabalho coordenado pela pesquisadora Margaret O. Dayhoff, intitulado *Atlas of Protein Sequence and Structure*, de 1965. A obra representou um marco no regime de produção do conhecimento em biologia molecular no século XX, sendo encarada como a ascensão da análise sequencial (the rise of sequence analysis): estratégia característica de organização da pesquisa na área de estudos funcionais sobre o genoma. (STRASSER, 2010).

Collecting, comparing, and computing protein or DNA sequences are among the most prevalent practices in contemporary biomedical research. They constitute a specific way of producing knowledge about the nature and the role of genes and proteins [...]. In subsequent years under Dayhoff's leadership, the Atlas grew in size and popularity, becoming a common fixture in biomedical laboratories [...] In the historiography of the life sciences, the rise of sequence analysis has been tied to the development of the field of molecular evolution. (STRASSER, 2010, p. 624, grifo nosso).

Um aspecto interessante da pauta de pesquisa em biologia molecular está vinculado à natureza evolutiva do campo disciplinar. Com certa frequência, os resultados da pesquisa avançaram a partir de um processo cumulativo do conhecimento, fundamentalmente ancorado numa relação histórica (path dependence)². E essa é uma informação importante quando pensamos o processo de formulação (ou emulação) de políticas na pesquisa biomédica contemporânea.

Essa nova organização da informação sobre o DNA teve implicações de grande validade para a literatura da Sociologia da Ciência, como no caso da obra *Estrutura das Revoluções Científicas*, de Thomas Kuhn (1998). Ou seja, é possível observar que a evolução da biologia molecular (em direção à formação de modelos computacionais) segue uma trajetória histórica de natureza evidentemente transdisciplinar e pautada nos avanços das tecnologias de informação e comunicação.

[...] the key practices of molecular evolution – collecting, comparing and computing sequences – were already well established by 1962, having developed during the previous decade in three unrelated fields: biochemical research on protein function, theoretical

studies of the genetic code, and attempts to apply digital computers to the life sciences. (STRASSER, 2010, p. 624).

O que se viu foi uma intensificação dos esforços da comunidade científica internacional na busca de uma “estandardização” (padronização) dos modelos científico-computacionais na área das ciências da vida. Vimos a emergência de novas estratégias de organização da pesquisa a partir do uso intensivo de banco de dados, já contendo um grau de precisão satisfatório para a continuidade dos estudos sobre a estrutura e funcionamento do gene. (KELLER, 2002).

Um traço marcante da pesquisa sobre genoma é que sua incursão na medicina passou a ser cada vez mais importante, com um ganho de autoridade cada vez mais expressivo no discurso médico. Com isso, ocorreu um “transbordamento” das pesquisas moleculares e a criação de uma massa de equipamentos e tecnologias médicas de alta base científica. Para Clarke entre outros (2003, p. 173), isso significou um aumento do processo de tecnocientização da biomedicina no fim do século XX:

[...] many of the biomedical innovations [...] are situated in organizations that are themselves increasingly computer-dependent in heterogeneous ways that in turn are increasingly constitutive of those organizations. The application of computer technologies within multiple biomedical domains and their organizational infrastructures are thereby mutually constructed, creating new social forms for orchestrating and performing the full range of biomedically related work.

Ficou claro que o processo de evolução científica dos estudos sobre genoma já não se desvinculava do uso intensivo de aparatos tecnológicos e informacionais. Na organização desse esquema cognitivo entre ciência e tecnologia, estão aliados atores (humanos e não-humanos) e discursos de legitimação distintos. A prática da análise sequencial passou a direcionar grande parte da produção de conhecimento em genética, e isso teve grande impacto no formato e no planejamento de uma política científica e tecnológica específica para a área.

No final da década de 90, o sequenciamento em larga escala do genoma teve considerável impulso, devido especialmente ao aperfeiçoamento contínuo e à automação do processo de sequenciamento de DNA e, também, pelo rápido avanço da tecnologia computacional de análise de sequências de DNA. (BALTIMORE, 2001).

Essa dinâmica interativa com as Tecnologias de Informação e Comunicação (TICs) conferiu

ao campo de estudos sobre genoma espaço e autoridade epistemológica para um expressivo processo de institucionalização nas últimas décadas do século XX. Foi possível uma renovação do seu próprio alicerce de produção científica, através de uma transformação contínua nas bases tecnológicas e da formação de redes verdadeiramente globais de pesquisa – em grande parte, financiada por departamentos de P&D de empresas multinacionais. (KEATING; CAMBROSIO, 2003).

Essa dinâmica interativa no campo dos estudos em genética inaugurou uma “corrida” internacional rumo ao sequenciamento completo de vários organismos, principalmente de bactérias e protozoários. Esse processo representou também uma realocação material e espacial da infraestrutura de pesquisa biomédica de alta tecnologia - “the rupture and relocation of material, social and national boundary demarcations”. (LOCK 2007; LÖWY; GAUDILLIÈRE, 2008).

A emergência das tecnologias de informação (aliadas a um “alargamento” das bases da política científica e tecnológica nos países desenvolvidos) ajudou na articulação de uma reconfiguração das plataformas do conhecimento da vida molecular. Isso mudou o regime de produção científica na área e o que se viu foi o aumento exponencial no número de pesquisas orientadas para o sequenciamento não só de organismos mais simples, mas também do próprio genoma humano.

O que é importante ser analisado aqui é o expressivo papel que desempenhou o discurso científico internacional, assim como a convergência com as plataformas científicas da medicina ocidental a nível transnacional. (CONRAD, 2005). O que exemplifica esse esforço transnacional é o caso do International Human Genome Sequencing Consortium (HGSC). Iniciado em 1997, ele envolveu 20 grupos de pesquisa dos EUA, Inglaterra, Japão, França, Alemanha e China³.

Do ponto de vista da articulação do regime de produção científica do genoma, sua possibilidade emergiu a partir de duas concepções iniciais. A primeira, de que a habilidade de coordenar visões globais sobre genética auxiliaria importantes avanços na pesquisa biomédica. A segunda, já que os problemas eram comuns (e que a coleta de fragmentos de sequências era um processo árduo e demorado), o consórcio estimularia um esforço em acelerar os resultados a partir de uma utilização mútua da infraestrutura instalada em universidades, laboratórios e centros de pesquisa internacionais. (NATURE, 2001).

No caso do HGSC, os investimentos por parte de instituições públicas e privadas também garantiram a viabilidade do projeto e, simultaneamente, criou-se uma intensa demanda por técnicas, equipamentos, softwares e processos que levassem à automação de parte das atividades de pesquisa feita pelos cientistas.

Até mesmo autores com visões distintas sobre o HGSC como Keller (2002), concordam com o fato de que o apoio de distintos grupos da sociedade americana, o suporte financeiro e o mercado criado em torno da biotecnologia foram cruciais.

Durante os primeiros anos, o sequenciamento ocorria por meio de técnicas manuais e a comunidade científica sinalizava para o não cumprimento das metas de sequenciamento. Alguns cientistas, percebendo a demanda por equipamentos mais eficazes, criaram empresas ao longo do desenvolvimento do projeto. Foi o caso dos cientistas Mike Hunkapiller e J. Craig Venter que, em 1998, fundaram a Celera Genomics. (OSADA, 2007; PEREIRA, 2005).

O que se observou nessa etapa da pesquisa em Biologia molecular é seu alto grau de standardização e automação. Nesse novo regime, o biólogo molecular precisa dominar o conhecimento em Biologia e em Computação para produzir avanços na área.

É possível observar três características norteadoras do HGSC:

(a) o aumento do conhecimento transdisciplinar sobre a vida celular e a inclusão definitiva dos estudos sobre genoma como vetor do desenvolvimento da medicina;

(b) a racionalização/automatização da atividade de investigação molecular no laboratório e a formação de plataformas tecnocientíficas baseadas em banco de dados de livre circulação internacional e;

(c) um esforço de padronização dos regimes locais de produção do conhecimento biológico (principalmente evidentes com a entrada de países em desenvolvimento nos grandes programas de sequenciamento), fundado numa globalização de tecnologias médicas criadas no mundo desenvolvido, e que reproduzem uma agenda de “emulação” de políticas de C&T “vindas de fora”. (LOCK, 2007). Elas estão expressas nos equipamentos, linhagens e culturas de células, metodologias de sequenciamento genético assimiladas por grande parte da comunidade científica mundial.

Fica evidente que a comunidade científica possui o “controle” do progresso técnico como elemento fundamental na sua trajetória histórica de legitimação. Dentre outros aspectos, o domínio tecnocientífico reproduz relações de poder e impõe valores, criando uma expertise que participa cada vez mais dos processos de definição de agendas de políticas públicas a nível global.

Esse discurso orientou uma parcela expressiva da comunidade científica brasileira, principalmente aquela engajada nos grandes temas de fronteira da pesquisa genética internacional. No Brasil, ela se expressou pela organização do Programa Genoma da Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), que tomou para si o papel

de institucionalizar a política de C&T em genômica brasileira, no estado do país onde se concentra a maior parcela da produção científica nacional.

3 INCORPORANDO O MODELO: a política de C&T em genômica no Brasil e o programa genoma do Estado de São Paulo

A organização de uma política de C&T em genômica no Brasil mostrou ser um fenômeno bastante distinto de outras políticas públicas nacionais. Ela se baseou numa diretriz fomentada pela comunidade científica internacional. De maneira dinâmica, essa agenda buscou equiparar os esforços em C&T do país numa área de crescente prestígio internacional, que passava por um momento de grande impacto para o discurso da inovação e da biotecnologia emergente no fim do século XX.

Onde esse processo se deu de forma mais evidente no Brasil foi no Estado de São Paulo – região com maior parcela da produção científica nacional, ambiente privilegiado para o investimento em áreas de fronteira nas ciências e na biotecnologia. Sua orientação mais geral para o Estado de São Paulo foi a preocupação com duas dimensões práticas da ciência e para a economia: a capacitação em estudos sobre genoma e sequenciamento genético, e a criação de linhas de fomento à pesquisa para setores como da agroindústria de exportação e para a área de tratamentos médicos intensivos em conhecimento.

É possível afirmar que desde os anos 1990 tais objetivos já se firmavam como orientadores da política de C&T paulista. A participação de uma parcela importante da comunidade de cientistas em grandes projetos internacionais e em novas áreas de pesquisa possibilitou uma maior aproximação com temas de fronteira científica. Ficou claro o peso do discurso da “genomics” na orientação dos programas e políticas de C&T em diversos países, inclusive no Brasil.

Não é exagero dizer que os consórcios internacionais de sequenciamento genético (em atividade intensa desde os anos 1980, ao aprofundar o conhecimento da estrutura molecular de bactérias e plantas até o de organismos mais complexos, como o genoma humano), representam essa incursão da biotecnologia como paradigma científico.

A entrada do Brasil na área dos estudos sobre genoma, de maneira geral, e o sequenciamento do genoma humano, de maneira particular, prenunciavam os rumos da medicina no início do século XXI (DIAS-NETO, 2001), tamanho era o impacto desse tema na orientação da política de C&T, principalmente no Estado de São Paulo. É sob essa dimensão – os estudos em biotecnologia humana, que está orientada a proposta de análise de política de C&T desse trabalho.

Entretanto, para se entender as bases dessa

orientação de política específica, é preciso resgatar a discussão sobre um instrumento prático, que teve atuação mais transversal, como os projetos de capacitação na área de sequenciamento do genoma nas ciências da vida como um todo. Esse foi o papel do Programa Genoma da Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado de São Paulo. É necessário apresentar brevemente o contexto de formação do Programa Genoma da FAPESP, cujo principal instrumento foi a organização da rede ONSA.

4 O PROGRAMA GENOMA FAPESP, A REDE ONSA E O PROJETO GENOMA DO CÂNCER

O programa genoma, encabeçado pela FAPESP, nasceu em 1997 com a iniciativa de sequenciar por completo o genoma da bactéria *Xylella fastidiosa* – o primeiro fitopatógeno a ser inteiramente sequenciado no mundo, responsável pela praga do “amarelinho” nos laranjais paulistas.

Para atingir esse objetivo, foi criada a rede Organisation for Nucleotide Sequence and Analysis - Organização para Sequenciamento e Análise de Nucleotídeos (ONSA) um instituto virtual, criado com o objetivo de conectar laboratórios envolvidos nos projetos genomas da Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado de São Paulo, FAPESP. A rede mantinha aproximadamente 200 pesquisadores, instalados em 30 laboratórios no Estado de São Paulo, mantidos com recursos iniciais da ordem de US\$ 13 milhões.

A oportunidade científica era sequenciar o genoma de organismos. O meio de fazê-lo era através da rede ONSA. Essa rede virtual, cujo modelo de formação de consórcio de pesquisa privilegiou a criação de redes de cooperação entre centros de pesquisa, integrou diversos laboratórios paulistas para sequenciamento de DNA em larga escala, com o suporte centralizado para bioinformática no Instituto de Computação da Universidade Estadual de Campinas UNICAMP. (SIMPSON; PEREZ, 1998).

Esse programa, na época do seu lançamento até a conclusão, em 2003, investiu cerca de US\$ 50 milhões e provocou importantes mudanças no cotidiano dos laboratórios de Biologia Molecular no estado de São Paulo. (OSADA, 2007). A “saga” do genoma da *Xylella* abriu as portas de uma série de outros projetos genomas. Como resultado, o sequenciamento da *Xylella* ganhou a capa da revista *Nature*, em 13 de junho de 2000, e repercutiu em forma de análise e de notícias em vários periódicos no mundo. (OLIVEIRA, 2008).

Durante o desenvolvimento do Programa Genoma, vemos a diversidade dos projetos que se estabeleceram com o apoio da FAPESP.

Em janeiro de 2000 o genoma pioneiro da *Xylella* foi concluído, antes do prazo. Depois veio o da bactéria *Xanthomonas axonopodis*, causadora do cancro

cítrico. Logo em seguida vieram o da cana-de-açúcar e o do *Schistosoma mansoni*, verme responsável pela esquistossomose. [...] os projetos se transformaram no Programa Genoma FAPESP (principalmente com o início do projeto genoma do câncer). Também foram sequenciados os genomas da *Leptospira*, bactéria causadora da leptospirose, do café, do eucalipto, e o genoma bovino [...] a rede ONSA cresceu muito. O orçamento que foi gasto de 1997 até 2003 foi de US\$ 39 milhões. A rede ONSA chegou a ter 60 laboratórios com esse orçamento. (OLIVEIRA, 2008).

Apenas nesses primeiros esforços da rede ONSA já foi possível observar uma agenda de capacitação de pesquisadores em novas técnicas de sequenciamento. O programa aplicou recursos na infraestrutura dos laboratórios, financiando desde a compra de equipamentos de sequenciamento até a reforma e a ampliação de laboratórios; assim como dinamizou o contato entre universidade, governo e empresas para executar grandes projetos na área da biotecnologia.

O projeto genoma da *Xylella* e o projeto genoma humano do câncer foram os de maior impacto na comunidade científica internacional. Eles estão na base de uma estratégia de política de C&T que tornou possível uma nova forma de organização da pesquisa e da produção da ciência no Estado de São Paulo. Esta se manifestou por uma cooperação em rede entre pesquisadores e se orientou por uma nova metodologia de obtenção de resultados: focalizada no uso de instrumentos da bioinformática e da computação.

Em 1999, a rede ONSA lançou o Projeto Genoma Humano do Câncer (Human Cancer Genome Project - HCGP), área do Genoma Humano de alta competitividade no cenário internacional. (KIMURA; BAÍA, 2002). O Projeto HCGP, uma parceria financeira entre a FAPESP e o Ludwig

Institute for Cancer Research (Instituto Ludwig para Pesquisa sobre o Câncer), envolveu o trabalho conjunto com 29 laboratórios paulistas. Esse é um exemplo de área que foi orientada pela emergência da chamada Oncogenômica⁴, que reorganizou o formato do “fazer” científico no campo dos estudos sobre o câncer.

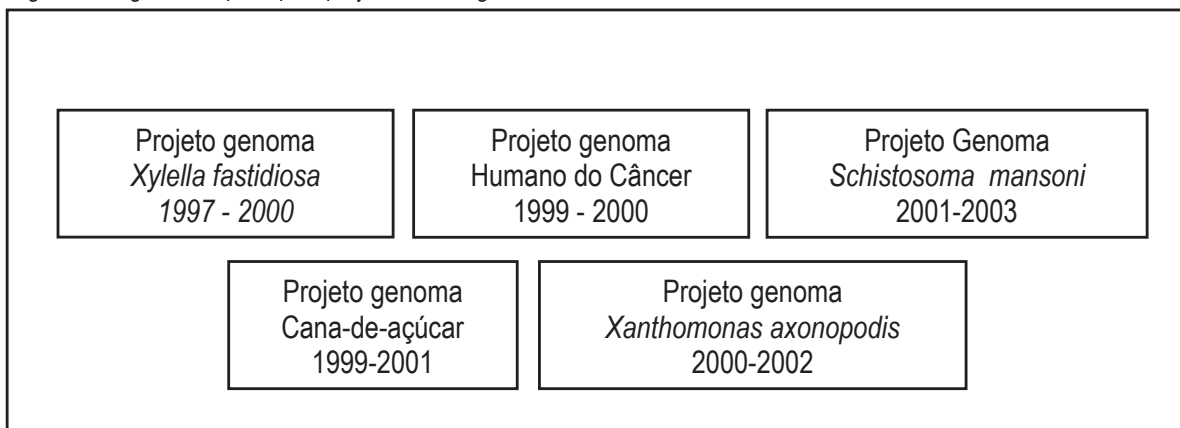
A trajetória de pesquisas sobre o Câncer não é nova. Ela remete aos anos 1960, entretanto, recebe atenção especial em 1971, quando o então presidente dos EUA Richard Nixon assinou o National Cancer Act, lançando a campanha de “War on Cancer” (AYUANG, 2011; PETO, 2001) – contexto em que a doença era a segunda responsável por óbitos naquele país.

Isso assegurou um papel de destaque da pesquisa sobre o câncer na agenda da política científica dos Estados Unidos, e o que se viu foi um aumento expressivo da quantidade de recursos destinados a pesquisa básica e ao desenvolvimento de drogas-alvo para o tratamento da doença, principalmente por parte do National Institute of Health (NIH) e o National Cancer Institute (NCI).

De 1971 a 2004 foram gastos mais de US\$200 bilhões nas pesquisas na área, enquanto o sequenciamento do genoma humano demandou um gasto de aproximadamente US\$3 bilhões. (AYUANG, 2011). A dinâmica de interação entre as duas atividades científicas era evidente, e se tornava cada vez mais promissor o intercâmbio de pesquisadores e o compartilhamento de uma infraestrutura tecnológica destinada à análise gênica e molecular do câncer.

O projeto genoma do Câncer contribuiu para a criação de um arcabouço de conhecimento científico em oncogenômica no país, vinculado aos moldes da ciência internacionalizada. Com o sucesso do projeto, o Brasil entrou para a seleta equipe de países que detém o conhecimento e a formação especializada nas principais tecnologias de sequenciamento (análise do DNA, RNA, transcriptoma, etc.) no campo da biologia molecular e genética. Há que se refletir,

Figura 1 - Alguns dos principais projetos do Programa Genoma FAPESP – 1999/2003



Fonte: Elaborado pelos autores.

assim, sobre os resultados dessa orientação de política, ancorada numa incorporação de conceitos e práticas científicas desenvolvidas fora do país, em países de natureza econômica e social distintas.

5 CONCLUSÃO

Vimos que o processo de formação de uma agenda de política não é uma tarefa banal. De maneira geral, ela possui conceitos e orientações que muitas vezes não aparecem nos textos de definição dos objetivos da política. No campo da C&T esses conceitos são mais difíceis de serem evidenciados, uma vez que estão relacionados à heterogeneidade da organização de seu principal ator (a comunidade de pesquisa). Por vezes, essa definição da agenda de política de C&T incorpora elementos que atendem algumas demandas dos cientistas, mas exclui a de outros.

Isso é muito evidente na área da genomics. A busca incessante pela conclusão de grandes projetos de sequenciamento genético e a orientação desse campo para a internacionalização desses resultados foram um traço marcante naquele momento, e condicionou outras linhas de investigação na área. Só é possível entender o desenvolvimento de uma tecnologia (ou uma cadeia delas) a partir de uma análise dos elementos sociopolíticos de onde ela emerge. A definição das relações de poder entre os diversos grupos na área da genomics se expressou de maneiras distintas no mundo, e a utilização da história ajuda a explicar o porquê de certas relações serem específicas a certas áreas do conhecimento.

É importante assegurar que a descrição dos elementos que caracterizam parte do regime de produção científica nesse campo é fundamental para se entender quais as bases históricas de legitimação que sustentaram a orientação da política, mostrando o porquê da rápida divulgação das tecnologias de sequenciamento e os fatores materiais e culturais que compuseram a sua validade dentro da comunidade acadêmica internacional.

Em outras palavras, ao argumentarmos que o desenvolvimento tecnológico envolve conflito e negociação entre grupos sociais com concepções diferentes acerca dos problemas e soluções, colocamos em questão não só a velocidade do progresso técnico, mas o seu próprio conteúdo e significando. (DAGNINO, 2008). Ora, isso nos faz pensar sobre os resultados (não só materiais) do desenvolvimento dos estudos sobre genoma, que possuem um potencial imenso para aplicação em campos importantes no Brasil, como em melhorias no tratamento do câncer e na aplicação da medicina molecular na saúde pública, por exemplo.

O Estado de São Paulo possui a capacitação de muitos profissionais nesse campo, e pode liderar uma aproximação mais interessante entre a comunidade de pesquisa e a saúde pública. Esse

processo já ocorre, mas ainda está permeado por práticas restritivas da comunidade acadêmica em orientar-se para o discurso da inovação tecnológica e para grandes programas de interesse internacional. Há que se analisar a importância da política de C&T brasileira sem perdermos de vista uma aplicação democrática dos recursos públicos destinados à pesquisa, pensando sua contribuição para a resolução de problemas sociais mais básicos do país, sobretudo aqueles referentes a saúde pública e ao desenvolvimento humano em geral.

REFERÊNCIAS

- AYUANG, S. **Scientific convergence in the birth of molecular biology**. Disponível em <<http://www.creatingtechnology.org/Auyang>>. Acesso em: 12 jun. 2011.
- BALTIMORE, D. Our genome unveiled. **Nature**, New York, v. 409, p. 814-816, 2001.
- CLARKE, A. et al. Biomedicalization: technoscientific transformations of health, illness, and U.S. Biomedicine. **American Sociological Review**, Washington, DC, v. 68, p.161-194, apr. 2003.
- CONRAD, P. **The medicalization of society: on the transformation of human conditions into treatable disorders**. Baltimore: Johns Hopkins University Press, 2007.
- DAGNINO, R. **Neutralidade da ciência e determinismo tecnológico**. Campinas: Ed. Unicamp, 2008
- DIAS-NETO, E. O projeto genoma humano e a contribuição do projeto genoma do câncer brasileiro. **Biológico**, São Paulo, v. 63, n. 1/2, p. 33-35, jan./dez. 2001.
- KEATING, P.; CAMBROSIO, A. **Biomedical platforms: realigning the normal and the pathological in late twentieth-century medicine**. Cambridge, Massachusetts: MIT Press, 2003.
- KELLER, E. F. **The century of the gene**. Cambridge: Harvard University Press, 2002.
- KIMURA, E. T.; BAÍA, G. S. Rede ONSA e o Projeto Genoma do câncer: contribuições ao genoma humano. **Arquivos Brasileiros de Endocrinologia e Metabologia**, São Paulo, v. 46, p. 325-329, 2002.
- KUHN, Thomas S. **A estrutura das revoluções científicas**. 5. ed. São Paulo: Perspectiva, 1998.

LOCK, Margaret. Biomedical technologies, cultural horizons, and contested boundaries. In: HACKETT, E. J. et al (Eds). **The handbook of science and technology studies**. 3. ed. Cambridge: MIT Press, 2007. p. 875-900.

LÖWY, I; GAUDILLIÈRE, Jean-Paul. Localizing the global: testing for hereditary risks of breast cancer. **Science, Technology & Human Values**. 2008.

MAHONEY, J. Path dependence in historical sociology. **Theory and Society**, Germany, v. 29, n. 4, p. 507-48, 2000.

NATURE. Initial sequencing and analysis of human genome. **Nature**, New York, v. 409, n. 15, p. 86-921, feb. 2001.

NORTH, D. **Institutions, institutional change and economic performance**. Cambridge: Cambridge University Press, 1990.

OLIVEIRA, Marcos de. José Fernando Perez: ex-diretor científico da FAPESP fala sobre o pioneirismo dos primeiros projetos Genoma e as conseqüências para a biotecnologia brasileira. **Online Pesquisa FAPESP**, São Paulo, maio 2008. Suplemento especial. Disponível em:<>. Acesso em: 12 jun. 2011.

OSADA, N. **Fazendo gênero nas ciências: uma análise das relações de gênero na produção do conhecimento do projeto genoma da Fapesp**. 2006. 152 f. Dissertação (Mestrado em Política Científica e Tecnológica) - Universidade Estadual de Campinas, São Paulo, 2006

PETO, J. Cancer epidemiology in the last century and the next decade. **Nature**, New York, n. 411, p. 390-397, 2001.

PIERSON, P. Increasing returns, path dependence and the study of politics. **The American Political Science Review**, Washington, DC, v. 94, n. 2, p.251-67, 2000.

SIMPSON, A.; PEREZ, J. ONSA the São Paulo Virtual Genomics Institute. Organization for Nucleotide Sequencing and Analysis. **Nature Biotechnology**, New York, v. 16, p. 795-796, sept. 1998.

STRASSER, B. Collecting, comparing, and computing sequences: the making of Margaret O. Dayhoff's Atlas of Protein Sequence and Structure, 1954–1965. **Journal of the History of Biology**, Winter, v. 43, n. 4, p. 623-660, 2010.

STRAUSSBERG, R. et al. Oncogenomics and the development of new cancer therapies. **Nature**, New

York, v. 429, n. 6990, p. 469-474, 2004.

VELHO, L. Conceitos de ciência e a política científica, tecnológica e de inovação. **Sociologias**, Porto Alegre, ano 13, n. 26, p. 128-153, jan./abr. 2011.

Notas

- 1 Os autores agradecem a FAPESP e o CNPq pelos auxílios destinados para a realização da pesquisa na área, sem os quais não seria possível a efetivação deste trabalho.
- 2 Path dependence é um conceito geral utilizado pela literatura da ciência política (PIERSON, 2000) e da vertente da (macro) sociologia histórica (MAHONEY, 2000), com algumas interfaces com a economia institucionalista. (NORTH, 1990). A expressão significa que a configuração atual de um sistema depende de sua história, não podendo ser compreendido como um fenômeno estático. (VELHO, 2011).
- 3 "The idea of sequencing the entire human genome was first proposed in discussions at scientific meetings organized by the US Department of Energy and others from 1984 to 1986 [...] In addition, the Human Genome Organization (HUGO) was founded to provide a forum for international coordination of genomic research [...] Several books provide a more comprehensive discussion of the genesis of the Human Genome Project". (NATURE, 2001).
- 4 Oncogenômica – uma sub-área da genômica, relativamente nova, que faz a aplicação sistemática de tecnologias para caracterizar genes associados ao desenvolvimento do câncer. Seu objetivo é identificar tanto genes relacionados à formação de tumores como genes capazes de interromper a reprodução de células cancerosas. A atividade científica na área busca fornecer novos tratamentos para o diagnóstico do câncer, prevendo sua evolução clínica e criando novas terapias-alvo, baseadas na investigação do comportamento celular e na manipulação do material genético do paciente de forma individualizada. (STRAUSSBERG et al, 2004).

Renan Gonçalves Leonel da Silva

Relações Internacionais
Doutorando do Programa de Pós-graduação em Política Científica e Tecnológica da Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP)
E-mail: leonnelrg@gmail.com

Maria Conceição da Costa

Socióloga
Doutora em Ciência Política pela Universidade de São Paulo (USP)
Professora do Programa de Pós-graduação em Política Científica e Tecnológica da Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP)
E-mail: dacosta@ige.unicamp.br

Universidade Estadual de Campinas - UNICAMP
Instituto de Geociências - Rua João Pandiá Calógeras, 51
CEP: 13083-870