# Identidades Emergentes, Genética e Saúde

*Perspectivas antropológicas*

Garamond
UNIVERSITÁRIA

Coordenação
*Maria Alzira Brum Lemos*

Conselho Editorial

*Bertha K. Becker*
*Candido Mendes*
*Cristovam Buarque*
*Ignacy Sachs*
*Jurandir Freire Costa*
*Ladislau Dowbor*
*Pierre Salama*

**Fundação Oswaldo Cruz**

Presidente
*Paulo Marchiori Buss*

Vice-Presidente de Desenvolvimento Institucional,
Informação e Comunicação
*Paulo Gadelha*

**Editora Fiocruz**

Coordenador
*Paulo Gadelha*

Coordenador Executivo
*João Carlos Canossa P. Mendes*

Conselho Editorial

*Carla Macedo Martins*
*Carlos E. A. Coimbra Jr.*

*Charles Pessanha*
*Gilberto Hochman*
*Jaime L. Benchimol*
*José da Rocha Carvalheiro*
*José Rodrigues Coura*
*Luis David Castiel*
*Luiz Fernando Ferreira*
*Maria Cecília de Souza Minayo*
*Miriam Struchiner*
*Paulo Amarante*
*Vanize Macêdo*

*Ricardo Ventura (org.)*

# Identidades Emergentes, Genética e Saúde

## *Perspectivas antropológicas*

EDITORA FIOCRUZ

Garamond

*Copyright © dos autores, 2012*

Direitos cedidos para esta edição:
**Editora Garamond Ltda.**
Caixa Postal 16.230 Cep 22.222-970
Telefax: (21) 2504-9211
E-mail: editora@garamond.com.br

*Diagramação*
Luiz Oliveira

*Capa*
Estúdio Garamond

*Revisão*
Carmem Cacciacarro

CIP-BRASIL. CATALOGAÇÃO NA FONTE
SINDICATO NACIONAL DOS EDITORES DE LIVROS, RJ.

Todos os direitos reservados. A reprodução não-autorizada desta publicação, por qualquer meio, seja total ou parcial, constitui violação da Lei nº 9.610/98.

# Sumário

Apresentação
*Ricardo Ventura Santos, Sahra Gibbon e Jane Felipe Beltrão* ..... 7

Degeneração e eugenia na história da psiquiatria moderna
*Sandra Caponi* ..... 29

"Agressividade" e "violência": a difícil tarefa de conceituar no diálogo entre geneticistas e cientistas sociais
*Gláucia Silva* ..... 51

Saúde, longevidade e genética: um olhar biopolítico
*Luis David Castiel* ..... 69

Doação de sêmen e classificação étnico-racial no Brasil
*Rosely Gomes Costa* ..... 91

Identidade genética no debate sobre o estatuto de fetos e embriões
*Naara Luna* ..... 107

A "molecularização" do câncer de próstata: reflexões sobre o chip de DNA
*Marko Monteiro, Ricardo Z. N. Vêncio* ..... 147

Usos políticos da leucopenia e diferença racial no Brasil contemporâneo
*Elena Calvo González* ..... 175

A importância de ser uro: movimentos indígenas, políticas de identidade e pesquisa genética nos Andes peruanos
*Michael Kent* ..... 195

Biorrevelações: testes de ancestralidade genética em perspectiva antropológica comparada
*Verlan Valle Gaspar Neto, Ricardo Ventura Santos, Michael Kent* ..... 227

# Apresentação

*Ricardo Ventura Santos, Sahra Gibbon e Jane Felipe Beltrão*

Alguns anos atrás, em 2007, um jornal de Salvador, Bahia, publicou uma criativa charge do artista e cartunista Cau Gomez. Esta charge foi simultaneamente inspirada no conhecido desenho "homem vitruviano", do artista renascentista italiano Leonardo da Vinci, e nos debates sobre raça, genética e ancestralidade que se tornaram frequentes no Brasil ao longo de toda a primeira década do século XXI.[1] Como em outros países do mundo, a partir da aplicação de sofisticadas tecnologias genômicas, têm ocorrido discussões acerca de aspectos da história da formação da sociedade brasileira e da construção da sua identidade. Como veremos ao longo deste livro, esses debates, que em muito transcendem as fronteiras dos laboratórios, interagem com percepções e discursos sociais mais amplos, além de influenciarem práticas com consequências as mais diversas.

Se o homem concebido por da Vinci é um cânone da beleza clássica, com proporções perfeitas entre as diversas partes do corpo, na versão brasileira, concebida por Cau Gomez, o que está em jogo não são somente as relações geométricas do corpo humano. Com o título "composição genética (o DNA do povo brasileiro)", o foco está, ao contrário da proporcionalidade perfeita de Vinci, nas "imperfeições" de um corpo que, para utilizar uma expressão de grande peso histórico, é quase "degenerado". As partes do corpo deste "homem vitruviano brasileiro" são desproporcionais, como se resultando de más condições de saúde, incluindo sequelas de desnutrição, tuberculose,

1 Gostaríamos de agradecer a Elena Calvo González, que foi quem primeiro chamou nossa atenção para a charge de Cau Gomez.

verminose e raquitismo: cabeça desproporcionalmente grande, um peito no qual se veem as marcas das costelas sob a pele, uma barriga volumosa talvez devido à infecção por vermes e pernas finas e secas. A mensagem é a de que os genes (ou a biologia, de uma maneira geral) não explicam a totalidade e a complexidade do que é esse ser humano: as porcentagens de ancestralidade genético-geográfica, por si, não atingem os 100%, somente lá chegando quando somadas à fome, ao desemprego e ao analfabetismo.

Mais africano que europeu, com algumas pitadas de genes ameríndios, o "homem vitruaniano brasileiro" é um mestiço, com uma "composição genética" eminentemente biossocial, incluindo simultaneamente ancestralidade biológica e um "DNA socioeconômico-político". Seria difícil localizar uma imagem mais apropriada que aquela concebida por Cau Gomez para abrir este livro. É uma alegoria que remete a alguns dos debates mais candentes no campo da biopolítica no início do século XXI, no Brasil e no mundo.

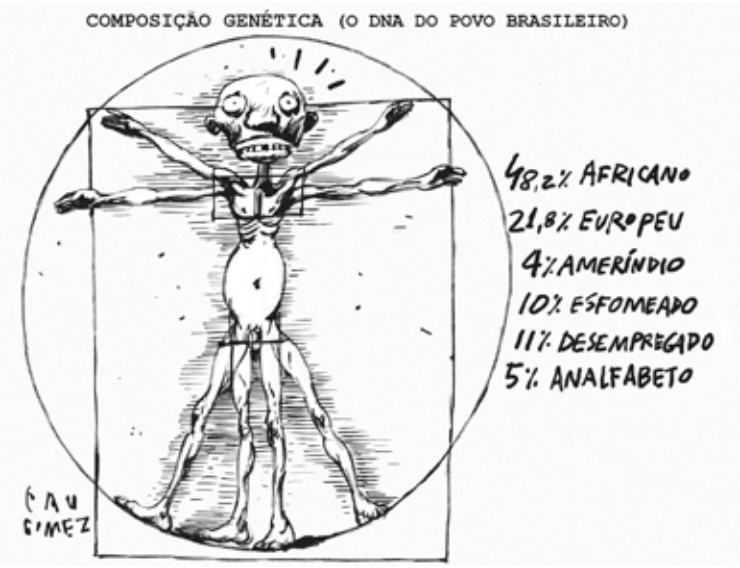


Figura 1. Charge "Composição genética (o DNA do povo brasileiro)", de autoria de Cau Gomez (reproduzida com permissão).

segundo ele, "consistiria em idiomas/vocabulários e aspectos morais sustentados pelos conhecimentos produzidos pela epidemiologia enquanto um dispositivo de técnicas e práticas de investigação cujos resultados 'revelam' as condições de saúde (riscos e agravos) de grupos humanos". Explicitamente lançando mão das proposições de Rose (2007), e mostrando o papel das tecnologias modernas de comunicação (como a internet), o autor argumenta que o "epidemiopoder" está associado a dimensões como molecularização, bioeconomia e o desenvolvimento de novas comunidades de especialistas.

A segunda seção, denominada "Reprodução, molecularização e biopolítica da vida em si", reúne três capítulos, de autoria de Rosely Gomes da Costa, Naara Luna e, em parceria, Marko Monteiro e Ricardo Vêncio.

Na interface entre os campos da bioética e da socioantropologia das relações raciais no Brasil, o texto de Rosely Costa[5] centra-se no tema da doação de sêmen. A autora analisa as tensões decorrentes do fato de que a legislação brasileira determina que o doador deve permanecer anônimo, ao mesmo tempo em que há interesse, por parte dos casais que buscam inseminação artificial, em conhecer suas características. Nesse processo, equipes médicas passam a ser intermediários no que diz respeito aos critérios de classificação racial. Os dados apresentados por Costa, que se baseiam em pesquisa etnográfica realizada em clínicas de reprodução em Campinas, no Estado de São Paulo, não somente explicitam as questões ligadas ao uso de tecnologias reprodutivas, tema que tem sido central na literatura sobre biopolíticas, como também nos mostra os complexos processos de subjetivação envolvidos na caracterização dos doadores de sêmen, incluindo atributos físicos e comportamentais. O texto deixa evidente que a aplicação de tecnologias reprodutivas precisa ser compreendida à luz de contextos socioculturais particulares os quais,

5 No final de 2011, quando estávamos redigindo esta Apresentação, recebemos a triste notícia do falecimento de nossa colega Rosely Costa, ocorrido em 4 de dezembro de 2011.

no caso analisado, envolvem, em larga medida, questões associadas à dimensão étnico-racial brasileira.

O capítulo de Naara Luna explora o debate público sobre o estatuto de fetos e embriões no tocante ao uso de argumentos fundamentados em dados genéticos para descrever a condição desses entes, e em particular como a genética é acionada tanto para fundamentar posições pró-vida quanto para descartá-las. Além da questão mais direta da reprodução, o trabalho de Luna compartilha com o de Gomes o interesse em analisar como o conhecimento científico alcança a sociedade, o que ocorre através dos discursos de especialistas e de intervenções de representantes de movimentos sociais. A partir de uma perspectiva etnográfica, a pesquisa de Luna centra-se em dados coletados a partir de audiências públicas com especialistas, convocadas pelo Supremo Tribunal Federal (STF), para discutir um "conceito operacional jurídico para vida humana". Como nos mostra a autora, independente da posição defendida, os diversos atores engajados nas discussões abordam, em suas intervenções, questões ligadas a identidades, mais especificamente ao que se entende como início da vida. Luna mostra ainda como em debates públicos as tecnologias biológicas podem ajudar a reforçar a "genetização do ser humano e das relações familiares".

Tomando como estudo de caso as aplicações de uma tecnologia de ponta (biomarcadores moleculares para o câncer de próstata), o texto de Marko Monteiro e Ricardo Vêncio é uma análise acerca de como as práticas científicas contemporâneas vêm produzindo uma "molecularização" da vida e do corpo a partir de uma diversidade de perspectivas. O interesse dos autores está em refletir sobre mudanças nas formas como o câncer de próstata vem sendo classificado, ou seja, a passagem de um momento em que as descrições eram originalmente baseadas na anátomo-patologia e fisiologia, para outro no qual há o predomínio de características moleculares ou genéticas, além de envolver processos de digitalização do corpo.

Conforme indicado por Monteiro & Vêncio, no caso em apreço, o conceito de representação finda por não descrever "adequadamente as emergentes formas moleculares de definição de doenças, pois, nesse caso, os mesmos conceitos que são usados para "representar" aspectos do corpo transformam-se em formas de manipular e interferir nesse mesmo corpo". Ao enfocar a questão da "molecularização", tanto no âmbito da descrição científica quanto da manipulação da matéria, os autores abordam um tema central da biopolítica no início do século XXI.

A terceira parte do volume tem como título "Tecnologias genéticas e identidades étnico-raciais emergentes" e traz três contribuições, de autoria de Elena Calvo Gonzáles, Michael Kent e, em parceria, Verlan Valle Gaspar Neto, Ricardo Ventura Santos e Michael Kent.

Tendo como pano de fundo a dimensão étnico-racial, Elena Calvo Gonzáles analisa os discursos relacionados a uma condição denominada leucopenia (baixa contagem de leucócitos no sangue) no contexto da luta sindicalista e das discussões contemporâneas sobre a chamada "saúde da população negra". A autora compara perspectivas sobre como diferenças inscritas nos corpos são reinterpretadas com base em transformações do contexto sociopolítico brasileiro. Além de se remeter ao fundamental debate sobre a qualidade híbrida do conceito de raça, Gonzáles dialoga com a literatura contemporânea sobre raça e saúde, que tem na anemia falciforme um caso emblemático de discussão sobre a saúde da população negra, tanto no Brasil como nos Estados Unidos. Se, por um lado, a leucopenia foi e, em alguns contextos, continua a ser vista como condição "natural" associada a características biológicas do corpo negro, em outros não o é. A análise, como coloca a autora, "nos remete a noções sobre desigualdade e posição social que não necessariamente concebem a diferença em termos biológicos". Os argumentos desenvolvidos no texto mostram as íntimas vinculações entre identidades étnico-raciais, conhecimento genético, saúde e políticas públicas.

# A "molecularização" do câncer de próstata: reflexões sobre o *chip* de DNA

*Marko Monteiro*
*Ricardo Z. N. Vêncio*

## "Molecularizando" o corpo

Investigações recentes da prática científica, feitas a partir da antropologia, das ciências sociais e dos Estudos Sociais da Ciência e Tecnologia (ESCT), vêm analisando o conceito de "molecularização" da vida e do corpo a partir de uma diversidade de perspectivas (Lynch, 2003; Lynch, 1998; Keating & Cambrosio, 2004; Shostak, 2005; Sommerlund, 2006; Braun, 2007; Fullwiley, 2007; Rose, 2007a; 2007b). Esses trabalhos começam a delinear uma descrição de uma importante mudança nas formas de classificação científicas: antes baseadas na fisiologia, nomeando e dando sentido ao corpo a partir da sua aparência externa e das suas macroestruturas, essas classificações são cada vez mais baseadas em características moleculares ou genéticas. Este texto[1] busca ampliar esse debate ao considerar o conceito de representação molecular a partir do exemplo do câncer de próstata.

A partir de uma análise da distinção entre formas fisiológicas e moleculares de representação do câncer de próstata na ciência, nosso objetivo é o de melhor definir o sentido de "molecular" na sua relação com as classificações do câncer. Formas moleculares de represen-

1 Este texto, escrito com base em uma pesquisa financiada pelo Fundo de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (Fapesp) realizada entre 2001-2005, é uma versão revisada de artigo previamente publicado em *Leonardo Electronic Almanac,* v. 16 (4-5): 1-11, 2009.

tação podem ser descritas, para além da sua relação com a biologia molecular (o DNA, o RNA e as proteínas), pelo deslocamento que causam das bases da classificação da fisiologia para a informação, do visual para o numérico e do diagnóstico para a manipulação. O conceito de *representação*, como é tradicionalmente compreendido, define que algo (por ex., um conceito) substitui ou "representa" outra coisa (por ex., uma parte ou estrutura do corpo humano). Essa definição do conceito não descreve adequadamente as emergentes formas moleculares de definição de doenças, pois, nesse caso, os mesmos conceitos que são usados para "representar" aspectos do corpo se transformam em formas de manipular e interferir nesse mesmo corpo.

A atual bibliografia sobre molecularização analisou as formas complexas a partir das quais as novas tecnologias e formas de classificação que operam na escala molecular vêm impactando as dinâmicas sociais, incluindo: compreensões de saúde e doença (Hedgecoe, 2002; Shaw *et al*., 2003); o desenvolvimento de novas drogas e tratamentos, ou a chamada "medicina personalizada" (Shostak, 2005); identidades raciais e formas de classificação (Santos & Maio, 2004; Fullwiley, 2007), e os desafios éticos e políticos que emergem da molecularização da "vida em si" (Rose, 2007b). Recentemente, artistas vêm também explorando o potencial de tecnologias que operam na escala molecular como meio de expressão (Kac, 2007; Monteiro, 2006), sugerindo que tais tecnologias produzem não apenas metáforas a respeito da vida que circulam socialmente, mas configuram novas formas de interação com a natureza que problematizam nossas compreensões tradicionais a respeito dessa relação.

As práticas de construção de novos seres vivos para fins artísticos, como a já bastante debatida coelhinha Alba de Eduardo Kac (Kac, 2003) ou as esculturas semivivas dos artistas australianos Oron Catts e Ionat Zurr (Catts & Zurr, 2002), são práticas de subversão dos sentidos da tecnologia que, ainda que não diretamente ligados à saúde ou ao corpo diretamente, ajudam a tornar mais clara a importância de se

discutir a representação de novas formas no contexto atual, marcado pelas possibilidades de manipulação da matéria viva (através das biotecnologias) ou inanimada (pela nanotecnologia). Enquanto alguns autores discutem o fim do conceito de representação (Lynch, 1994), neste capítulo queremos analisá-lo em termos das suas premissas a respeito do que significa descrever o corpo e suas estruturas, e como isso define nossa relação com seu significado e sua materialidade.

Os desafios teóricos relacionados à compreensão das tecnologias ligadas à genética e como estão impactando a sociedade ainda estão sendo esboçados, colocando em xeque inclusive algumas das formas pelas quais nossa visão de mundo "ocidental" opera. Um exemplo importante é a separação entre matéria e significado (Scheper-Hughes & Lock, 1987) na explicação das práticas de manejo e reconstrução do corpo. Essa perspectiva, ao conceber o corpo como um suporte biológico fixo para representações mentais variáveis, limita o escopo das questões que podemos fazer com relação ao processo de molecularização. O presente texto não busca esboçar todos esses desafios, nem muito menos resolver definitivamente o problema; buscamos, pelo contrário, recolocar algumas questões de forma a redirecionar futuras interpretações de práticas ligadas à molecularização, dentro e fora da prática científica.

Nossas intenções são, assim, bastante modestas: queremos explorar, através de um exemplo bem localizado, no interior de um debate específico a respeito da pesquisa com câncer de próstata, questões mais gerais a respeito da forma pela qual o corpo biológico é "enquadrado" pela tecnologia (Lynch, 2006): uma fisiológica, ou "analógica", e outra molecular, ou "digital". A dualidade entre analógico e digital tal qual utilizada aqui pode gerar certa confusão, na medida em que evoca determinados debates sobre as relações entre corpo e tecnologias digitais que trabalham com a ideia de "desmaterialização" a partir do uso intensivo de informação. Para evitar essa confusão, trabalhamos aqui a partir de um foco no conceito de representação, dando ênfase à materialidade dos corpos em questão.

A metáfora do DNA como uma molécula informacional aparece em outros debates sobre biotecnologia e genética (Hood *et al*., 2008, Kay, 2000; Thacker, 2003a), mas nosso objetivo aqui é focar menos na informação, e mais na questão da representação. Desejamos tornar essa aparente dualidade (analógico e digital) menos óbvia e mais problemática, ao menos com relação às formas pelas quais ela tem sido utilizada para descrever a intersecção entre corpos e tecnologias (Hayles, 1999; Waldby, 2000; Dyens, 2001), contextualizando a forma pela qual essa distinção pode ser produtiva para pensar um quadro molecular para a representação.

Outro objetivo é evitar a armadilha colocada por ideias de desmaterialização associadas a um corpo informacional. Tal postura teórica não consegue captar a complexidade dos impactos que a molecularização vem tendo e continuará a ter nas nossas relações com a nossa biologia, nossas identidades e nossas formas de autorrepresentação. Um "corpo digital" evoca ideias de controle irrestrito, uma imagem também usada por alguns cientistas quando descrevem o impacto da genética (Wilmut, Campbell & Tudge, 2000). Nosso objetivo é discutir como a "matéria" é importante nessas práticas moleculares de representação que fazem mais do que criar e manipular significados, mas operam num nível no qual atos de nomear e classificar servem também para manipular a própria composição biológica dos corpos em questão. Para tanto, o *microarray*[2] servirá como ponto de partida para a discussão, sendo o objeto que incorpora os conceitos acima mencionados.

## Representações moleculares

As análises deste capítulo partem de observações etnográficas conduzidas em duas importantes instituições científicas do estado

2 Um *microarray* de DNA, conhecido também como *chip* de genoma, *chip* de DNA ou ordenamento de genes, é uma coleção de pontos microscópicos de DNA, geralmente representando genes individuais ordenados sobre uma superfície sólida.

de São Paulo: a Universidade de São Paulo e o Instituto Ludwig de pesquisa sobre o câncer.[3] A discussão foca, no entanto, principalmente uma análise dos artigos científicos que foram usados no contexto da pesquisa observada, que descrevem o estado da arte naquele momento da pesquisa por um biomarcador molecular para o câncer de próstata, o foco da pesquisa colaborativa sendo desenvolvida entre as instituições mencionadas acima. Esses artigos são originários de diferentes instituições e países, informando não somente os cientistas brasileiros, mas diversos laboratórios ao redor do planeta que trabalham com problemas semelhantes. A molecularização não está, dessa forma, limitada a fronteiras nacionais ou a uma área específica da ciência.

Nosso foco não será, portanto, a descrição etnográfica de como esse grupo específico de cientistas pratica a molecularização da próstata, mas na questão da molecularização em si enquanto um artefato do conhecimento, como uma nova forma de conceituar a natureza. Qual é o significado do enquadramento da biologia tornado possível pela busca por biomarcadores moleculares como parte de um processo mais geral de mudança nas formas de classificação? Quais questões podem ser levantadas a respeito da relação entre classificações científicas e como elas permitem que corpos (ou naturezas) existam de formas específicas (Latour, 1995; Latour & Woolgar, 1997)?

Analisaremos o *microarray* na sua relação com a forma pela qual a próstata (e o câncer de próstata) está sendo traduzida para termos moleculares. Essa tradução, mais do que uma mudança na

3 A pesquisa de campo ocorreu entre maio e agosto de 2004. Nesse período, visitas foram feitas ao Instituto de Matemática e Estatística (IME) da USP, onde foi criado um programa de Doutorado em Bioinformática que abrigava diversos projetos nesse campo. No interior da USP, também foram feitas visitas ao Instituto de Química, onde pesquisas importantes na área de câncer de próstata eram conduzidas sob a supervisão do Prof. Sergio Verjovski-Almeida. Entrevistas foram feitas com diversos pesquisadores do Instituto Ludwig de Pesquisa com Câncer e do Hospital de Câncer A. C. Camargo (que na época funcionavam no mesmo prédio, desenvolvendo pesquisas de forma bastante próxima). Nessas instituições, pesquisadores da área médica e da área de bioinformática foram entrevistados. As instituições mencionadas colaboravam, nesse período, com projetos de sequenciamento e pós-genômicos focados na expressão de genes ligados a tumores da próstata.

modalidade visual ou descritiva, representa um deslocamento de paradigmas na medida em que mudam os elementos representativos e a forma pela qual tais elementos são ligados a projetos de manipulação do corpo. Ainda que se possa argumentar que essa ligação da representação com a manipulação seja talvez típica daquilo que define a ciência moderna (Rabinow, 2000) desde Descartes (Donatelli, 2000; Descartes, [1641]1999) ou Bacon (Bacon, 2000), o nível molecular pode ser analisado em termos da maneira como torna possível essa manipulação de maneiras antes impensadas. Diferentemente de Nikolas Rose e seus debates éticos e filosóficos a respeito da molecularização enquanto uma "política da vida em si" (Rose, 2007b), nosso foco será a relação entre a materialidade do corpo e práticas de representação atualmente desenvolvidas em práticas científicas. A representação em termos moleculares torna-se assim a busca pela reconstrução, minando a oposição entre *nomear* e *intervir* (Rheinberger, 2000).

O argumento baseia-se numa comparação entre o teste de Gleason e os dados dos *microarrays*, ambos métodos de classificar o câncer de próstata e avaliar as características do tumor. O teste de Gleason, que depende de uma caracterização visual que correlaciona forma e função, é um biomarcador bastante consolidado, tendo sido incorporado às práticas médicas e suas rotinas. O exame de PSA,[4] também usado como marcador para o câncer de próstata, não conseguiu se estabelecer como método de precisão, sendo utilizado sempre em conjunto com outras formas de diagnóstico (como o exame de toque). O *microarray* é uma tecnologia emergente que ainda é disputada em termos do seu uso e aplicação (Brown & Botstein, 1999; Segal *et al*., 2005), mas é considerada como altamente promissora. Não existem bio-

4 O antígeno prostático específico ou PSA é uma enzima com algumas características de marcador tumoral ideal, sendo utilizado para diagnóstico, monitoramento e controle da evolução do câncer de próstata.

marcadores moleculares estabelecidos para o câncer de próstata ainda, mas a pesquisa com *microarrays* tornou-se uma das mais importantes áreas de estudo do câncer atualmente (Segal *et al*., 2005; Pinkel & Albertson, 2005).

*Microarrays* são ao mesmo tempo uma forma de medir a expressão gênica, uma forma de traduzir essa expressão em dados numéricos (compreensíveis por computadores), além de potencialmente mudar drasticamente as nossas formas de classificação e tratamento do câncer e outras doenças. Essa classificação molecular é mais do que simplesmente descritiva: por conta da especificidade da escala molecular na célula, classificações baseadas no DNA tornam possíveis novas formas de interagir e recriar as estruturas descritas (Rajan, 2006; Rheinberger, 2000). Isso sugere a necessidade de reavaliação do sentido da representação na ciência e na arte, na medida em que utilizamos cada vez mais tecnologias moleculares nas nossas práticas de compreensão da biologia, do corpo e da vida.

Os *microarrays*, no âmbito específico da saúde, permitem a racionalização de desenvolvimentos terapêuticos precoces na medida em que permite a definição de "assinaturas" (Keating & Cambrosio, 2004) ou alvos utilizáveis no diagnóstico (Rajan, 2006). Os *chips* de DNA podem potencialmente transformar indivíduos em "pacientes em espera" ou "consumidores em espera" (Rajan, 2006): pacientes em espera, pois representações genômicas da vida possuem uma legitimidade adicional enquanto previsões do futuro biológico do indivíduo; e consumidores em espera, pois essas novas condições deixam o indivíduo suscetível a novas formas de tratamento, como os testes de novas drogas, novos tratamentos para doenças etc.

Essa ideia de descrever ao mesmo tempo em que se recria o corpo é um aspecto do que Paul Rabinow chamou de biossocialidade (Rabinow, 1996; 1999). O conceito de Rabinow relaciona-se intimamente com o manejo do risco, ou biopoder (Lash, 1991;

Foucault, 2007a; 2007b): a vigilância é substituída pelo manejo constante das populações, de acordo com a percepção de predisposições a patologias descritas em termos genéticos. A posse de um ou mais genes associados a uma doença conhecida constitui assim um risco incorporado antes da manifestação de quaisquer sintomas, deslocando nossa percepção da saúde e da doença.

Além disso, Rabinow aponta para a administração do eu a fim de produzir um sujeito eficiente e adaptável. Estamos deixando de lado a vigilância do indivíduo e de grupos sabidamente perigosos e adotando a classificação e o manejo dos fatores de risco que reconstroem indivíduos e grupos de diferentes maneiras, descontextualizando-os da sua experiência social, histórica e corpórea. A molecularização do câncer de próstata, nesse sentido, é uma das tecnologias mais avançadas para operar essa descontextualização, no âmbito específico dessa doença. Ela permite a representação do corpo em termos de conjuntos complexos de dados, que podem ser visualizados e manipulados em diversas modalidades (visual, computacional, biotecnológica). A habilidade de nomear um gene ou grupo de genes enquanto "biomarcadores" do câncer de próstata, assim, opera não somente uma mudança na forma de representação (o câncer classificado em termos genéticos), mas desloca nossa experiência da doença (detecção precoce, manejo constante) e até de nossos corpos. A possibilidade de localizar tais patologias muda a experiência subjetiva do corpo e da doença ali presente*, a priori*, enquanto potencial inevitável.

## Corpo digital, corpo analógico: do teste de Gleason ao *microarray*

Algumas das questões colocadas à instrumentalização científica do DNA são: como o corpo é enquadrado pela tecnologia? Como tecnologias específicas criam formas de perceber e relacionar-se com o corpo que são únicas? Como o corpo adapta-se, em toda a sua complexidade, às limitações intrínsecas a cada tecnologia? O corpo

integra-se totalmente com os coletivos de humanos e máquinas que compõem a ciência contemporânea (Latour, 1994; 2005) ou, pelo contrário, essa complexidade cria problemas para esses sistemas? O que a atual pesquisa com *microarrays* tem a ver com nossas representações do corpo?

O DNA tem duas funções básicas, de acordo com o modelo científico mais aceito atualmente: a *replicação*, que é responsável pela hereditariedade, e a *transcrição* dos genes, o processo que gera as "mensagens" (Brown & Botstein, 1999; Duggan *et al*., 1999; Gopalkrishnan, Kang & Fisher, 2001; Lacroix *et al*.; 2002; Mohr *et al*., 2002). O RNA que resulta da transcrição pode ser RNA mensageiro (mRNA), RNA ribossomal (rRNA) ou RNA de transporte (tRNA). Esses três tipos de RNA juntos são responsáveis pelo processo de tradução que resulta num polipeptídio (uma proteína, ou parte de uma). Esses polipeptídios são partes funcionais e ativas da célula. Nesse modelo tradicional, somente as proteínas são pensadas como parte funcionais da célula, o que tem sido questionado por pesquisas mais recentes, que implicam também o RNA nessas funções (Porkka *et al*., 2007).

O *microarray* é uma técnica para a mensuração da expressão gênica de forma comparativa, usando a quantidade de mRNA que foi produzida por cada gene. Dessa forma, a medida é obtida do quão ativo um determinado gene é, dadas as condições celulares/fisiológicas em que se encontra, na comparação com outra. Ao invés de contar o número de fitas de mRNA, um *chip* é produzido, e sobre sua superfície são fixadas sequências de DNA para serem testadas. O RNA é extraído durante a circunstância particular que está sob análise (por exemplo, quando determinada droga entra em contato com a célula) e marcado com moléculas fluorescentes, que são então espalhadas na superfície do *chip*.

Cada sequência de mRNA vai então ligar-se a um lugar específico do *chip* (uma sequência de DNA relativa a um gene particular), de

acordo com o princípio de que cadeias de nucleotídeos complementares unem-se de forma estável (o chamado pareamento de Watson--Crick). Após esse processo se completar, o *chip* é analisado e a luz que emana de cada ponto é mensurada. Através do contraste, tem-se assim uma medida da atividade de cada gene, na comparação com uma situação de controle (por exemplo, a ausência da droga sendo testada).

A importância da pesquisa de *microarray* relacionada ao câncer tem crescido de forma exponencial, como mostra Mohr *et al.* (2002). De acordo com os autores, o número de citações na Medline contendo as palavras "*microarray*" e "*microarray*+câncer" explodiu desde 1998. Esse número vai de 0 a 170 em 1999, 350 em 2000 e 700 em 2001 (Mohr *et al*., 2002). Aproximadamente 25% desse total são artigos relacionados com câncer. Esse número não para de crescer: havia mais de 11.300 entradas contendo "*microarray*+câncer" na Medline até o fim de 2009. Algumas das aplicações mais promissoras dos *microarrays* são a criação de perfis moleculares para indivíduos, através do que se convencionou chamar de "medicina personalizada". Essas impressões digitais moleculares podem ajudar na compreensão, entre outras coisas, das diferentes reações apresentadas por indivíduos distintos às mesmas drogas e tratamentos, como descreve a recente área da farmacogenômica (Hedgecoe & Martin, 2003).

Para Mohr *et al*. (2002), as pesquisas com *microarrays* podem levar à descoberta de marcadores moleculares para o câncer:

> A comparação baseada nos estudos de expressão gênica com *microarrays* indica uma gama de genes muito ou pouco ativos, que revela uma impressão digital relevante do estado molecular, fornecendo um corpo significativo de candidatos a marcadores moleculares da doença. A análise global das transcrições pode ter, em combinação com o saber a respeito da importância clínica do progresso da doença, aplicações

> poderosas no diagnóstico do câncer e no manejo dos pacientes. (Mohr *et al*., 2002: 3.169)[5]

Seu uso do termo "impressão digital molecular" sugere ligações arqueológicas (no sentido foucaultiano) entre o atual processo de tradução do corpo em termos genéticos e moleculares e o estabelecimento, no século 19, de novas disciplinas como a antropologia criminal, que também buscavam marcadores biológicos para traços de personalidade. Isso era feito a partir da medição do crânio e da análise das proporções corporais a fim de determinar se a pessoa era homossexual, "degenerada", retardada mental ou possuía outras condições tidas como patológicas. O uso atual de impressões digitais, descoberta nesse período, impôs-se como um marcador da individualidade biológica. Uma impressão digital molecular, no entanto, além de marcar a especificidade do indivíduo perante todos os outros, permite a potencial manipulação de todas essas características, deslocando a lógica classificatória que herdamos do século XIX.

Essa relação arqueológica pode ser mais bem compreendida se comparamos a pesquisa contemporânea sobre câncer e *microarrays* com o teste de Gleason. Esse teste, usado ao redor do mundo, baseia-se na análise visual de características morfológicas por um patologista, através de um microscópio óptico. Pesquisadores buscam agora estabelecer marcadores moleculares que permitirão uma classificação mais "objetiva" dos tumores, baseada em elementos genômicos, o que permitiria também um ataque mais preciso aos tumores durante o tratamento.

---

5 "*Microarray-based expression comparison indicates a panel of up- or downregulated genes that reveals a relevant molecular fingerprint of the cellular state and provides a large body of candidate molecular markers of the disease. Combined with knowledge of the clinical importance of disease process, global transcript analysis could have powerful application in cancer diagnosis and patient management*" (todas as traduções foram feitas por Marko Monteiro).

> A classificação molecular do câncer: Infelizmente a aparência morfológica do tumor, usada no passado como um marcador da doença, apresenta sérias limitações para a identificação e a classificação do câncer. Dois tumores com uma aparência histológica semelhante podem ter comportamentos clínicos muito diferentes. Essa variabilidade reflete a heterogeneidade molecular do tumor. Como são os distúrbios no programa de transcrição que explicam em grande parte a diversidade biológica do tumor, a construção de perfis de expressão gênica pode ajudar a revelar genes cuja expressão poderia ser considerada ideal para a classificação molecular do câncer. Dentro de cada perfil molecular será relevante individualizar marcadores específicos com valores "taxonômicos" diversos". (Mohr *et al*., 2002: 3.170)[6]

A busca por marcadores biológicos para o câncer de próstata não é própria do contexto pós-genômico: o teste de PSA já configura um marcador bastante aceito da possibilidade do câncer de próstata. Com o teste de Gleason, um método foi estabelecido para nomear a severidade do tumor de acordo com a malignidade, facilitando o tratamento e o prognóstico.

O teste de Gleason (Gleason, 1966; 1977) é feito a partir da análise visual, feita por um patologista através do microscópio, de fatias de tecido canceroso retiradas da próstata. O teste avalia a capacidade das células cancerígenas de imitar a arquitetura das células normais, especialmente aquelas células que formam as glândulas características desse tecido. A habilidade do tumor de "imitar" o tecido normal é chamada de diferenciação. A experiência mostra que um tumor com

6 "*Molecular classification of cancer: Unfortunately, the morphologic appearance of tumor, previously used as one of the cancer markers, presents serious limitations for the identification and classification of cancer. Two tumors with a similar histologic appearance can have very different clinical behavior. This variability reflects the molecular heterogeneity of tumor. Since perturbation in the transcriptional program accounts greatly for the biologic diversity of tumor, gene expression profiling can help to disclose genes whose expression could be considered ideal for molecular classification of cancer. Within each molecular portrait, it will be relevant to individualize specific markers with different "taxonomic" value.*"

uma arquitetura altamente diferenciada (ou seja, que imita muito bem o tecido normal) provavelmente agirá como tecido saudável – sendo assim menos maligno e agressivo ao organismo. Uma nota de Gleason um significa tecido altamente diferenciado, enquanto uma nota cinco indica pouca diferenciação, portanto maior malignidade.

Enquanto alguns autores (Mohr *et al*., 2002) demonstram entusiasmo por tais técnicas, outros são bem menos otimistas, levantando diversas questões ao uso generalizado de marcadores moleculares para o diagnóstico e tratamento do câncer. Mesmo dentre aqueles artigos analisados que expressaram uma visão mais positiva houve níveis diferentes de otimismo, denotando um campo ainda indefinido e rico em polêmicas.

Asmann *et al.* (Assman *et al*., 2002), por exemplo, argumentam em favor do potencial do gene CRISP-3 (*cysteine-rich secretory protein 3*) como biomarcador molecular do câncer de próstata. Na sua pesquisa, os autores buscaram identificar, num total de seiscentos genes expressos na próstata, nove que se expressavam diferentemente em tumores. Os resultados obtidos através da análise por *microarrays* foram comparadas com resultados obtidos via teste de Gleason, tornando possível uma comparação direta de dados obtidos por cada metodologia. Na sua análise, os autores enfatizam a natureza não específica do teste de PSA, além da necessidade de encontrar formas de classificação que tornassem possível formas mais precisas de diagnóstico e tratamento. O artigo compara de forma explícita ambas as formas de classificação do câncer, argumentando em favor de classificações fundamentadas em dados como mais objetivas e específicas do que aquelas obtidas via análise patológica.

Apesar da intensa busca por biomarcadores para o câncer de próstata, experimentos até o momento não mostram resultados conclusivos, para além de modelos estatísticos que sugerem um gene ou grupo de genes como biomarcador em potencial. Singh *et al.* (Singh *et al*., 2002) são mais cuidadosos, sugerindo um grupo de genes como

potencialmente correlacionados com o câncer de próstata (eles não citam a pesquisa com o CRISP-3). Para esses autores, a ausência de especificidade e certeza nos resultados que emergem de pesquisas com expressão gênica não permite uma substituição completa de exames histológicos como o Gleason. Ao mesmo tempo, os autores sugerem o uso combinado de diferentes métodos para ampliar a certeza no diagnóstico:

> Nossa análise revelou diferenças globais de expressão gênica significativas o bastante para tornar possível a diferenciação de tecidos normais dos tumorais, tanto nos conjuntos de treino quanto nos de validação. Ainda que o nível de certeza (82% - 92%) não seja satisfatório para possibilitar uma substituição do exame histológico, tais marcadores moleculares podem vir a ser coadjuvantes úteis para o diagnóstico morfológico. Além disso, enquanto alguns genes que são expressos diferentemente em tecidos normais e tumorais têm sido correlacionados com o resultado em grandes conjuntos de dados [...], nos nossos dados tais genes não estavam altamente correlacionados com o resultado. (Singh *et al*., 2002: 206)[7]

Outro artigo crítico com relação às possibilidades de modelagem de processos biológicos (Vilar, Guet & Leibler, 2003) sugere que o presente interesse em modelos numéricos para processos celulares deriva de uma renovação da tecnologia e uma nova onda de dados empíricos brutos (como aqueles derivados do Projeto Genoma Humano), mas sua capacidade de efetivamente explicar esses processos é limitada. De acordo com o artigo, o uso de modelos tem sido bem-

7 "*Our analysis revealed global gene expression differences that were sufficiently robust to distinguish tumor from normal in both training and validation sets. While the level of accuracy (86% - 92%) is not sufficient to replace histological examination, these molecular markers may be useful adjuncts to morphology-based diagnostics. In addition, while certain genes differentially expressed between normal and tumor prostate specimens in microarray experiments have been correlated with outcome in large data sets (...), in our data such differentially expressed genes were not highly correlated with outcome*."

-sucedido na física e na engenharia, mas a enorme complexidade de processos biológicos e a falta de dados empíricos suficientes impõem limites a um sucesso semelhante nas ciências da vida. Os autores afirmam que esse tipo de modelagem é necessariamente limitado, fazendo referência à crença atual de que as interações entre os componentes moleculares podem ser compreendidas com modelos matemáticos ou simulações computacionais, chegando à possibilidade de uma possível reprodução:

> Por um lado, a célula não é um reator coerentemente organizado. Ela é uma estrutura altamente heterogênea e compartimentalizada, na qual fenômenos como agrupamentos moleculares ou canalizações estão presentes [...], e na qual a natureza discreta dos componentes moleculares não pode ser ignorada [...]. Por outro lado, são tão poucos os detalhes conhecidos sobre os reais processos que ocorrem *in vivo* que se torna muito difícil avançar sem um grande número de pressuposições, muitas vezes arbitrárias, a respeito da natureza das não-linearidades e dos valores dos parâmetros que governam as reações. Entender essas limitações, buscando maneiras de superá-las, tornar-se-á cada vez mais importante, a fim de integrar de forma definitiva a modelagem como parte da biologia experimental. (Vilar, Guet & Leibler, 2003: 471)[8]

O debate especializado a respeito da modelagem computacional de processos biológicos pode ser caracterizado como um gradiente contendo otimistas e pessimistas, além de todo tipo de atitude intermediária. O debate a respeito da possibilidade de modelagem de processos biológicos, e de como melhor utilizar as ferramentas de

8 "*On the one hand, the cell is not a well-stirred reactor. It is a highly heterogeneous and compartmentalized structure, in which phenomena like molecular crowding or channeling are present (...), and in which the discrete nature of the molecular components cannot be neglected (...). On the other hand, so few details about the actual in vivo processes are known that it is very difficult to proceed without numerous, and often arbitrary, assumptions about the nature of the nonlinearities and the values of the parameters governing the reactions. Understanding these limitations, and ways to overcome them, will become increasingly important in order to fully integrate modeling into experimental biology.*"

modelagem existentes, é uma característica do discurso científico desde sua emergência moderna (Cassirer, 2000; Chene, 2001). A matematização das nossas representações da natureza e do corpo remontam aos autômatos hidráulicos das cortes europeias do século XVII, se formos pensar numa história da explicação científica e modelagem do corpo e de seu funcionamento interno (Channel, 1991).

Mais recentemente, a emergência da biologia molecular como explicação dominante da vida e da biologia (Yoxen, 1982; Kay, 2000) estabeleceu o DNA como a base material para a hereditariedade. Recentemente, muito tem sido escrito por acadêmicos e jornalistas sobre como o Projeto Genoma Humano e outros grandes projetos científicos têm mudado nossas concepções a respeito do significado da vida (Keller, 1995; Doyle, 1997; Palladino, 2003). No entanto, analisar o gene ou "o livro da vida" como uma metáfora, discutindo os diversos significados da vida biológica, não leva em conta o aspecto principal e mais característico das representações moleculares: a de permitir a superação da dualidade entre nomeação e manipulação do corpo através das biotecnologias. A materialidade do corpo se transforma em meio de expressão, ou "biomeio" (*biomedia*) (Thacker, 2003a; 2003b) de formas não captadas pelas teorias mais correntes sobre genética e biotecnologia.

Pesquisas atuais sobre corpo e ciência indicam que o ímpeto de modelar está ligado à recriação do corpo de maneiras particulares que precisam ser criticamente exploradas pelos estudos sociais da ciência. A ideia de "reescrever" o corpo de forma autoral (Steinberg, 1997) é útil para compreender o que está em jogo no estudo etnográfico de práticas de representação molecular: mais do que o estudo de visões de mundo ou significados da biologia, o que está crescentemente em pauta são as formas pelas quais nossos corpos serão acessados, mantidos, regulados, curados, compreendidos, conhecidos e experimentados[9] materialmente.

9 Tanto no sentido de experimento (as formas pelas quais o corpo se torna objeto de estudo e experiências científicas) quanto no sentido experiencial, na forma de como experimentamos nosso ser incorporado no mundo.

## Conclusão: confundindo modelos e corpos

O *microarray* é a materialização de um projeto emergente de mudança nas representações da próstata, de formas fisiológicas para formas informacionais. Ainda que tais representações matematizadas estejam fundamentadas em projetos maiores para a elaboração de classificações do corpo a partir dos mesmos elementos que permitem o seu controle e manipulação, a natureza contestada desse campo sugere dificuldades inerentes à possibilidade de uma completa instrumentalização da biologia de seres vivos associada às novas representações moleculares. Tais dificuldades sugerem um campo de possibilidades para estudiosos das ciências sociais e dos ESCT que permanece pouco explorado, especialmente no Brasil.

Assim como outras biotecnologias (clonagem, terapia gênica, pesquisas com células-tronco, organismos transgênicos, entre outras), dados de *microarrays* têm sido comprovadamente inexatos e cheios de "ruídos", na medida em que a pesquisa busca estabelecê-los como uma forma de elaborar classificações objetivas de fenômenos baseados na genética. Esses ruídos, presentes nas tentativas de reduzir o corpo a um substrato informacional, não têm sido adequadamente levados em consideração por análises dos processos sociais de reconstrução das representações do corpo. Tais processos estão também, em muitos casos, intimamente ligados a projetos de reconstrução da materialidade do corpo, ainda que não completamente livre de problemas, como talvez se desejaria que fossem. Práticas externas aos laboratórios, como a implementação clínica de classificações moleculares de doenças (Shaw *et al*., 2003), representam um campo de pesquisa em potencial para detectar como as tendências aqui discutidas estão se materializando na sociedade em geral.

A busca por biomarcadores moleculares para o câncer de próstata se contextualiza no desejo de estabelecer uma ferramenta para clas-

sificar o câncer numa forma drasticamente diferente da tradicional, uma maneira de abandonar a suposta subjetividade do olho humano e abraçar a "objetividade mecânica" (Daston & Galison, 1990) incorporadas nos testes de DNA e nos (potenciais) biomarcadores. Estudos sugerem que essa tradução do corpo para termos moleculares está ocorrendo em outros campos, de forma igualmente conflituosa (Parry & Gere, 2006; Shostak, 2004).

Outra maneira de interpretar essa questão é através da análise que faz Michel Foucault das formas de classificação do conhecimento na modernidade (Foucault, 1994). Segundo ele, a "epistemé" que fundamenta a epistemologia científica clássica é aquela da "máthêsis", ou da busca pela medida e pela ordem. Diferentemente de outros períodos, nos quais o saber sobre a natureza era construído principalmente por listas de todas as coisas conhecidas, a partir do século XVII, com a emergência da ciência moderna, tornou-se imperativo organizar, buscar conexões e classificar, a fim de ordenar todo o conhecimento coletado. Nesse sentido, a matemática seria a linguagem universal da "objetividade", permitindo a descrição das inter-relações entre os objetos naturais (Cassirer, 2000).

Assim, a *epistemé* da ciência clássica, de acordo com essa interpretação, motivou e deu sentido à construção de modelos, matemáticos ou não, que poderiam, em teoria, "descrever" a verdade de toda a natureza de uma forma "analógica". A linguagem (da ciência) não se confundia com a materialidade (da natureza), e a verdade nada mais seria do que uma representação conceitual da natureza, derivada do método científico. Atualmente, essa distância entre conceito e realidade parece estar diminuindo, e daí o nosso uso do termo "digital" para descrever essa nova realidade. A descrição do corpo, por exemplo, em termos linguísticos, através do uso da genética, não fornece simplesmente uma representação teórica da verdade do corpo, mas produz também uma série de ferramentas com as quais se pode manipular e mudar a realidade material que tais conceitos buscam explicar.

Assim como a informação digital, que permite a manipulabilidade e a capacidade de interpelação de quaisquer dos elementos[100] que compõem um conjunto (Kittler, 2001), além da atualização dessa informação de múltiplas maneiras (como som, imagem, formas 3D, etc.), a tradução do corpo para termos informacionais se fundamenta na busca de abrir possibilidades de manipulação do corpo e seus processos. A descrição da informação genética e suas relações com o funcionamento do corpo é parte de um projeto maior de construir técnicas de intervenção, correção e melhoramento desse mesmo corpo, que precisam ser criticamente avaliadas e compreendidas.

Tais afirmativas devem ser contextualizadas, primeiramente, em termos de onde são produzidas e a quais necessidades elas servem. O processo de tradução de classificações oriundas da patologia (como o teste de Gleason) para categorias moleculares e informacionais testa os limites impostos pelo corpo material e sua complexidade. Tais limites deverão interferir ainda mais no desenvolvimento futuro de tecnologias associadas a essas representações, o que deve ser objeto de maiores investigações etnográficas no futuro.

A complexidade do nosso corpo biológico, confrontada com nossa vontade de manipulá-la, é mais bem compreendida quando interpretamos as práticas de representação moleculares como parte de uma história do corpo enquanto meio de expressão em geral, especialmente como meio para a arte (Kemp & Wallace, 2000; Warr & Jones, 2000). Em muitos trabalhos do que é hoje conhecido como "*body art*", a materialidade do corpo é destacada como contraponto ao nosso tratamento dela como maleável. Fluidos corporais (sangue, urina), a relação inextricável entre o material e o emocional (a dor de cortar a carne), a fragilidade de nossa constituição incorporada (como mostram as performances de autoflagelo de Bob Flanagan) são todos elementos que emergem da experimentação com o corpo enquanto meio (Ahmed &

10 Como os *pixels* de uma imagem digital.

Stacey, 2001; Wegenstein, 2004). Alguns experimentos mais recentes com vida artificial e arte também demonstram as limitações estéticas das tentativas de criar, no âmbito virtual, uma reprodução completa da realidade (Brown, Aleksander & Mackenzie, 2001), levantando questões a respeito de como o tema do controle sobre a vida e a biologia não pode ser simplesmente ignorado em favor de discursos que glorificam o controle tecnológico sobre o corpo.

Experimentações atuais com tecnologias moleculares como ferramentas para tornar a biologia um meio expressivo podem ser vistas como mais um capítulo na história do corpo como meio de expressão artística, levantando questões sobre como existiremos num mundo onde novas formas de vida são mais uma das possibilidades que teremos de nos expressar artisticamente (Tomasula, 2002). Ao discutir Alba, o seu coelho fluorescente, o artista brasileiro radicado em Chicago Eduardo Kac (um dos principais nomes desse novo tipo de arte) torna explícita sua preocupação com as formas pelas quais essas novas formas de vida serão aceitas no nosso mundo, como cuidaremos delas, como interagiremos com elas de forma ética (Kac, 2003).

O tema da subversão de técnicas científicas para fins estéticos, um aspecto crucial do Projeto de Cultura de Tecidos e Arte (*Tissue Culture and Art Project*) (Catts & Zurr, 2002), pode também ser interpretado como uma tentativa performática de interagir com o *establishment* biotecnológico, tornando explícitos significados que permanecem invisíveis nas suas mais tradicionais formas de expressão (por exemplo, a criação de milho ou soja transgênica). As "esculturas semivivas" dos artistas australianos Catts e Zurr podem ser interpretadas, para além dos objetos semivivos que produzem, como performances de criação de novos seres vivos que, por conta da sua condição de ser experimentos estéticos, revelam alguns sentidos instrumentalizantes implicados nas práticas laboratoriais.

O *microarray* é assim, neste texto, uma maneira de iniciar o debate sobre as representações científicas atuais da matéria

corpórea, seus significados e seus efeitos. A representação é uma questão em si mesma somente na arte e na ciência (Lynch & Woolgar, 1990), e a especificidade das representações científicas tem sido definida como a sua suposta capacidade de descrever o funcionamento interno de um objeto, tornando-o passível de manipulação ativa dos seus princípios. Enquanto esse tema tem sido debatido na literatura dos ESCT em termos de culturas visuais da ciência (Lynch & Woolgar, 1990; Pauwels, 2006), é só recentemente que uma discussão sobre a matéria corporal como representação se torna mais relevante.

Esse é o objetivo maior deste trabalho: oferecer a ideia de representações moleculares como um esboço teórico dessa virada ontológica envolvendo corpos, tecnologias e "representações". A necessidade de pensar para além do visual, ou da separação entre significados e matéria, não advém de razões teóricas apenas, mas emerge do fato de que "híbridos" (Latour, 1994) e "ciborgues" (Silva, 2000) são crescentemente parte de como interagimos com nosso mundo e entre nós.

O *microarray* é, portanto, mais do que um "móvel imutável" ou uma "inscrição" (Latour, 1990), termos de Bruno Latour para descrever representações científicas: ele de fato faz uma ponte entre os âmbitos da descrição científica e a manipulação da matéria (Keller, 2000), uma ponte que tende a se tornar mais ampla e mais facilmente trafegável no futuro próximo. Para além dos desafios intelectuais e epistemológicos inerentes a essa discussão, o que importa é definir com maior precisão os processos através dos quais nossos mundos e corpos, no presente e no futuro, estão sendo ativamente (re)construídos. Tais práticas não são neutras, como quaisquer outras práticas sociais também não o são. Por conta disso, uma maior compreensão das maneiras pelas quais elas ocorrem possibilitará um debate público mais produtivo sobre os mundos e os corpos que queremos habitar, agora e no futuro.

## Referências


AHMED, S. & STACEY, J. *Thinking through the skin*. London: Routledge, 2001.

ASSMAN, Y. W. *et al*. Identification of differentially expressed genes in normal and malignant prostate by electronic profiling of expressed sequence tags. *Cancer Research*, 62: 3.308-3.314, 2002.

BACON, F. *The new organon*. Cambridge: Cambridge University Press, 2000.

BRAUN, B. Biopolitics and the molecularization of life. *Cultural Geographies*, 14: 6-28, 2007.

BROWN, P. & BOTSTEIN, D. Exploring the new world of the genome with DNA microarrays. *Nature Genetics*, 21: 33-37, 1999.

BROWN, R.; ALEKSANDER, I. & MACKENZIE, J. *Biotica: art, emergence and artificial life*. London: Royal College of Art, CRD Research, 2001.

CASSIRER, E. *The individual and the cosmos in renaissance philosophy*. Mineola: Dover, 2000.

CATTS, O. & ZURR, I. Growing semi-living sculptures: the tissue culture and art project. *Leonardo*, 35: 365-370, 2002.

CHANNEL, D. *The vital machine: a study of technology and organic life*. New York: Oxford University Press, 1991.

CHENE, D. D. *Spirits and clocks: machine and organism in Descartes*. Ithaca: Cornell University Press, 2001.

DASTON, L. & GALISON, P. The image of objectivity. *Representations*, 40: 81-128, 1990.

DESCARTES, R. *Meditações sobre filosofia primeira* [1641]. Campinas: Unicamp, 1999.

DONATELLI, M. *Da máquina corpórea ao corpo sensível: a medicina de Descartes*, 2000. Tese de Doutorado, São Paulo: Departamento de Filosofia, Universidade de São Paulo.

DOYLE, R. *On beyond living: rhetorical transformations of the life sciences*. Stanford: Stanford University Press, 1997.

DUGGAN, D. *et al*. Expression profiling using cDNA microarrays. *Nature Genetics*, 21: 10-14, 1999.

DYENS, O. *Metal and flesh: the evolution of man, technology takes over*. Cambridge: MIT Press, 2001.

FOUCAULT, M. *The order of things: an archeology of the human sciences*. New York: Vintage Books, 1994.
FOUCAULT, M. *História da Sexualidade 1: a vontade de saber*. Rio de Janeiro: Graal, 2007a.
FOUCAULT, M. *Vigiar e punir: história da violência nas prisões*. São Paulo: Vozes, 2007b.
FULLWILEY, D. The molecularization of race: institutionalizing human difference in pharmacogenetics practice. *Science as Culture*, 16: 1-30, 2007.
GLEASON, D. Classification of prostatic carcinomas. *Cancer Chemotherapy Reports*, 50: 125-128, 1966.
GLEASON, D. The veteran's administration cooperative urologic research group: histologic grading and clinical staging of prostatic carcinoma. In: TANNENBAUM, M. (ed.). *Urologic pathology: the prostate*. Philadelphia: Lea and Febiger, 1977.
GOPALKRISHNAN, R.; KANG, D. & FISHER, P. Molecular markers and determinants of prostate cancer metastasis. *Journal of Cellular Physiology*, 189(3): 245-256, 2001.
HAYLES, K. *How We became posthuman: virtual bodies in cybernetics, literature, and informatics*. Chicago: University of Chicago Press, 1999.
HEDGECOE, A. Reinventing diabetes: classification, division and the geneticization of disease. *New Genetics and Society*, 21: 7-27, 2002.
HEDGECOE, A. & MARTIN, P. The drugs don't work: expectations and the shaping of pharmacogenetics. *Social Studies of Science*, 33: 327-364, 2003.
HOOD, L. *et al*. Systems biology at the Institute for systems biology. *Briefings in Functional Genomics and Proteomics*, 7: 239-248, 2008.
KAC, E. GFP bunny. *Leonardo*, 36: 97-102, 2003.
KAC, E. (Ed.). *Signs of life: bio art and beyond*. Cambridge: MIT Press, 2007.
KAY, L. *Who wrote the book of life? A history of the genetic code*. Stanford: Stanford University Press, 2000.
KEATING, P. & CAMBROSIO, A. Signs, markers, profiles and signatures: clinical hematology meets the new genetics (1980-2000). *New Genetics and Society*, 23: 15-45, 2004.
KELLER, E. F. *Reconfiguring life: metaphors of twentieth-century biology*.

New York: Columbia University Press, 1995.
_____. Models of and models for: theory and practice in contemporary biology. *Philosophy of Science*, 67: S72-S86, 2000.
KEMP, M. & WALLACE, M. *Spectacular bodies: the art and science of the human body from Leonardo to now*. Berkeley: University of California Press, 2000.
KITTLER, F. Computer graphics: a semi-technical introduction. *Grey Room*, 2: 30-45, 2001.
LACROIX, M. *et al*. A low-density DNA microarray for analysis of markers in breast cancers. *The International Journal of Biological Markers*, 17: 5-23, 2002.
LASH, S. Genealogy and the body: Foucault/Deleuze/Nietzsche. In: FEATHERSTONE, M.; HEPWORTH, M. & TURNER, B. (eds.). *The body: social process and cultural theory*. London: Sage, 1991.
LATOUR, B. Drawing things together. In: LYNCH, M. & WOOLGAR, S. (eds.). *Representation in scientific practice*. Cambridge: MIT Press, 1990.
_____. *Jamais fomos modernos*. Rio de Janeiro: Editora 34, 1994.
_____. The 'pedofil' of Boa Vista: a photo-philosophical montage. *Common Knowledge*, 4: 144-187, 1995.
_____. *Reassembling the social: an introduction to actor-network theory*. Oxford: Oxford University Press, 2005.
_____. & WOOLGAR, S. *A vida de laboratório: a produção dos fatos científicos*. Rio de Janeiro: Relume-Dumará, 1997.
LYNCH, M. Representation is overrated: some critical remarks about the use of the concept of representation in science studies. *Configurations*, 2: 137-149, 1994.
_____. Contested identities: science, law and forensic practice. *Social Studies of Science*, 28: 675-686, 1998.
_____. God's signature: DNA profiling, the new gold standard in forensic science. *Endeavor*, 27: 93-97, 2003.
_____. The production of scientific images: vision and re-vision in the history, philosophy and sociology of science. In: PAUWELS, L. (ed.). *Visual cultures of science: rethinking representational practices in knowledge building and science communication*. Hanover: Dartmouth College Press, 2006.
_____. & WOOLGAR, S. *Representation in scientific practice*. Cambridge:

MIT Press, 1990.
MOHR, S. *et al*. Microarrays as cancer keys: an array of possibilities. *Journal of Clinical Oncology*, 20: 3.165-3.175, 2002.
MONTEIRO, M. A arte como reinvenção do corpo: explorando práticas reflexivas da matéria. *História & Perspectivas*, 35: 175-209, 2006.
PALLADINO, P. Life... On biology, biography, and bio-power in the age of genetic engineering. *Configurations*, 11: 81-109, 2003.
PARRY, B. & GERE, C. The flesh made word: banking the body in the age of information. *BioSocieties*, 1: 41-54, 2006.
PAUWELS, L. (ed.). *Visual cultures of science: rethinking representational practices in knowledge building and science communication*. Hanover: Dartmouth College Press, 2006.
PINKEL, D. & ALBERTSON, D. Array comparative genomic hybridization and its applications in cancer. *Nature Genetics*, 37: S11-S17, 2005.
PORKKA, K. *et al*. MicroRNA expression profiling in prostate cancer. *Cancer Research*, 67: 6.130-6.135, 2007.
RABINOW, P. *Essays on the anthropology of reason*. Princeton: Princeton University Press, 1996.
_____. *French DNA: trouble in purgatory*. Chicago: University of Chicago Press, 1999.
_____. Epochs, presents, events. In: LOCK, M.; YOUNG, A. & CAMBROSIO, A. (eds.). *Living and working with the new medical technologies: intersections of inquiry*. Cambridge: Cambridge University Press, 2000.
RAJAN, K. S. *Biocapital: the constitution of postgenomic life*. Durham: Duke University Press, 2006.
RHEINBERGER, H.-J. Beyond nature and culture: modes of reasoning in the age of molecular biology and medicine. In: LOCK, M.; YOUNG, A. & CAMBROSIO, A. (eds.). *Living and working with the new medical technologies: intersections of inquiry*. Cambridge: Cambridge University Press, 2000.
ROSE, N. Molecular biopolitics, somatic ethics and the spirit of biocapital. *Social Theory and Health*, 5: 3-29, 2007a.
_____. *The politics of life itself: biomedicine, power, and subjectivity in the twenty-first century*. Princeton: Princeton University Press, 2007b.

SANTOS, R. V. & MAIO, M. C. Race, genomics, identities and politics in contemporary Brazil. *Critique of Anthropology*, 24: 347-378, 2004.
SCHEPER-HUGHES, N. & LOCK, M. The mindful body: a prolegomenon to future work in medical anthropology. *Medical Anthropology Quarterly*, 1: 6-39, 1987.
SEGAL, E. *et al*. From signatures to models: understanding cancer using microarrays. *Nature Genetics*, 37: S38-S45, 2005.
SHAW, A. *et al*. Surveying "slides": clinical perception and clinical judgment in the construction of a genetic diagnosis. *New Genetics and Society*, 22: 3-19, 2003.
SHOSTAK, S. Environmental justice and genomics: acting on the futures of environmental health. *Science as Culture*, 13: 539-562, 2004.
_____. The emergence of toxic genomics: a case study in molecularization. *Social Studies of Science*, 35: 367-403, 2005.
SILVA, T. T. D. (ed.). *Antropologia do ciborgue: as vertigens do pós-humano*. Belo Horizonte: Autêntica, 2000.
SINGH, D. *et al*. Gene expression correlates of clinical prostate cancer behaviors. *Cancer Cell*, 1: 203-209, 2002.
SOMMERLUND, J. Classifying microorganisms: the multiplicity of classification and research practices in molecular microbial ecology. *Social Studies of Science*, 36: 909-928, 2006.
STEINBERG, D. L. *Bodies in glass: genetics, eugenics, embryo ethics*. Manchester: Manchester University Press, 1997.
THACKER, E. Data made flesh: biotechnology and the discourse of the posthuman. *Cultural Critique*, 53: 72-97, 2003a.
_____. What is biomedia? *Configurations*, 11: 47-79, 2003b.
TOMASULA, S. Genetic art and the aesthetics of biology. *Leonardo*, 35: 137-144, 2002.
VILAR, J.; GUET, C. & LEIBLER, S. Modeling network dynamics: the lac operon, a case study. *The Journal of Cell Biology*, 161: 471-476, 2003.
WALDBY, C. *The visible human project: informatic bodies and posthuman medicine*. New York: Routledge, 2000.
WARR, T. & JONES, A. *The artist's body*. London: Phaidon, 2000.
WEGENSTEIN, B. If you won't shoot me, at least delete me! Performance art from 1960s wounds to 1990s extensions. In: MITCHELL, R. & THURTLE, P.

(eds.). *Data made flesh: embodying information*. New York: Routledge, 2004.
WILMUT, I.; CAMPBELL, K. & TUDGE, C. *The second creation: dolly and the age of biological control*. Cambridge: Harvard University Press, 2000.
YOXEN, E. Giving life a new meaning: the rise of the molecular biology establishment. *In*: ELIAS, N.; MARTINS, H. & WHITLEY, R. (eds.). *Scientific establishments and hierarchies*. London: D. Reidel, 1982.

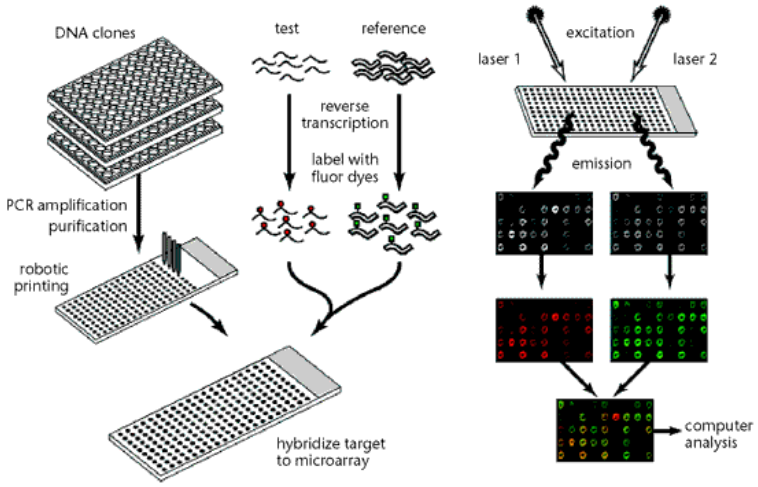


Figura 1: Esquema da construção do *microarray* (retirado de Duggan *et al*., 1999).

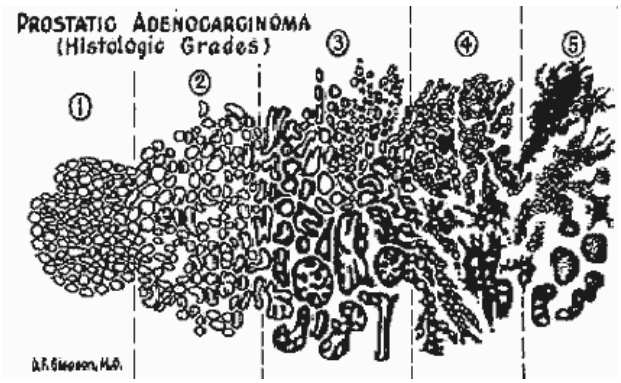


Figura 2: Desenho simplificado das 5 notas de Gleason [retirado de http://www.phoenix5.org/Infolink/GleasonGrading.htm#intro].