

Das ervilhas de mendel à bioinformática: e os princípios éticos?

From mendel's peas to bioinformatics: what about ethical principles?

Douglas Manoel Antonio de Abreu Pestana dos Santos 

Universidade de São Paulo
douglaspesquisador@gmail.com

RESUMO

Diante da fusão das ciências biológicas com a ciência da computação deu origem a bioinformática. Por se tratar de uma área que lida diretamente com a vida, onde os computadores exercem uma função central, as questões éticas se tornam ainda mais complexas. Nesse sentido, este estudo inicia traçando um paralelo entre a evolução da genética com a dos computadores e, em seguida, é proposto um ensaio, convidando a reflexão sobre como ações responsáveis por profissionais da área podem auxiliá-los a conduzir os seus trabalhos com bases éticas.

PALAVRAS-CHAVE: Ética Aplicada. Bioinformática. Ética Computacional. Ética.

ABSTRACT

The fusion of biological sciences with computer science has given rise to bioinformatics. Since it is an area that deals directly with life, where computers play a central role, the ethical issues become even more complex. In this sense, this study begins by drawing a parallel between the evolution of genetics and that of computers, and then an essay is proposed, inviting reflection on how responsible actions by professionals in the field can help them conduct their work on ethical bases.

KEY-WORDS: *Applied Ethics. Bioinformatics. Computational Ethics. Ethics.*

INTRODUÇÃO

A computação vem sendo utilizada como um meio para se conseguir progressos em diversas áreas do conhecimento, auxiliando, por exemplo, em cálculos complexos, armazenamento, busca e processamento de dados, dentre outras infinitas possibilidades que possa requerer a necessidade humana para resolver alguma questão.

Por outro lado, a introdução dos computadores trouxe à tona questões, até então, inéditas, tal como qual a maneira correta de utilizá-los, sem que haja abuso de nenhuma espécie. Então, para resolver situações concernentes ao bom uso que se deva fazer dos computadores, fatores éticos aplicados a essa área precisam ser considerados.

Por exemplo, surgiu a bioética, que lida com questões éticas relacionadas às ciências biomédicas e da engenharia genética, como a manipulação de genes (CROCETTI, 2012). E, ética computacional, que fornece modelos conceituais para orientar profissionais de computação a exercerem a sua função com boa conduta, considerando o que o ser humano valoriza e o que não valoriza (MOOR, 1985).

A bioética e a ética computacional são dois ramos do que pode ser chamado de ética aplicada, cujo objetivo é o de fornecer ao público julgamentos éticos sobre questões contemporâneas de relevância, fornecendo vocabulários, teorias e métodos argumentativos para lidar com problemas. Portanto, as questões éticas relacionadas à bioinformática se referem ao uso do computador para manipular dados genéticos (HONG LADAROM, 2006).

Os dados genéticos são obtidos, por exemplo, com a sequência genômica, que é um código criptografado que contém a informação bruta para a formação de organismos vivos e de como eles funcionam. Já o estudo do conteúdo dessa informação genômica é chamado de bioinformática (GRIFFITHS et al., 2016). Bioinformática, portanto, é uma ciência híbrida, porque engloba tanto a biologia quanto a computação, em que são utilizados sistemas computacionais para gerenciar e analisar dados biológicos. Os dados são analisados aplicando técnicas de estatísticas e de inteligência artificial (RAMAKRISHNAN; GEHRKE, 2011). Dessa maneira, a bioinformática engloba tanto o uso de hardware e software quanto a matemática (KLUG et al., 2010).

Nesse sentido, este trabalho tem como objetivo lançar luz sobre a questão ética aplicada à bioinformática, e, para isso, inicialmente é investigado pontos históricos em que ocorreram descobertas na área biológica e invenções no campo computacional.

Como a bioinformática é uma ciência onde há a junção da biologia com a computação, a evolução de ambas as áreas, foram traçadas em paralelo. E então, constatado a estreita ligação

entre essas ciências, é analisado e sugerido uma forma de como utilizar a bioinformática com responsabilidade.

Este artigo está organizado da seguinte maneira: na seção seguinte é abordado alguns pontos relacionados a evolução da genética em paralelo com a evolução dos computadores; além disso, também são explicados conceitos que possam auxiliar o leitor para uma melhor compreensão. A Seção 1 contém uma análise de como a responsabilidade pode ser um fator vital a ser considerado para fazer um bom uso da bioinformática. Na Seção 2 são relatados uma breve análise, contendo pontos-chaves de descobertas e invenções alcançadas nas áreas da genética e da computação, e, por último, as considerações finais são feitas.

1. FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

No monastério, localizado na cidade de *Brünn*, Áustria (atualmente *Brno*, na República Tcheca), o monge, Gregor Mendel, buscando entender como se ocorre a transmissão das características dos genitores para os seus descendentes, cultivou ervilhas em seu jardim, entre 1856 e 1863. Nesse tempo, Mendel conduziu experimentos de polinização cruzada entre variedades de ervilhas; um dos experimentos envolveu o cruzamento entre flores roxas e brancas, e, toda a primeira geração híbrida resultou em flores roxas. Dessas flores, Mendel fez a polinização direta, dando origem a segunda geração, em que, das 929 flores da progênie, 705 nasceram roxas e 224 brancas, portanto, analisando os resultados, observou que os genes desempenhavam uma função fundamental na transmissão de características. Mendel propôs ainda a ocorrência de duas variantes genéticas, chamados de alelos; um alelo condicionando ao roxo e o outro ao branco. No experimento, houve a predominância do alelo roxo, em que um gene codifica uma enzima produzindo o pigmento roxo nas células. Em suas investigações, Mendel constatou a lei de herança (GRIFFITHS et al., 2016).

Ao longo dos anos de seus estudos, Mendel entendeu a importância da investigação estatística e da aplicação da matemática a um problema biológico, servindo de base para o seu trabalho mais importante, intitulado “*Experiments in Plant Hybridization*”, o qual foi lido nas reuniões da *Natural History Society of Brünn*, em 1865. E, no ano seguinte, foi impresso nos *Proceedings of the Natural History Society* (VILLANOVA UNIVERSITY, n.d.).

Outras descobertas foram feitas na área da genética, como as proteínas serem molécula orgânica de grande massa formada por uma ou mais cadeias de aminoácidos, ou seja, são os produtos da expressão do gene, cujas moléculas desempenham a função de

atribuir propriedades aos sistemas vivos. Portanto, a diversidade das proteínas e das funções biológicas que dá a enorme diversidade da vida, originam-se quando as proteínas se constituem com as combinações de 20 aminoácidos diferentes (KLUG et al., 2010).

Antes do surgimento dos primeiros computadores, em 1937, o britânico Turing (1937), projetou um dispositivo teórico capaz de computar funções matemáticas. Então, no ano seguinte, o alemão Konrad Zuse, construiu o primeiro computador binário programável, o Z1. E, em 1945, o estadunidense Vannevar Bush, em um texto intitulado "*As We May Think*", influenciou, em alguma medida, o que viria ser futuramente a World Wide Web, porque ele propôs um dispositivo, chamado MEMEX (*Memory Index*), para armazenar livros, registros e comunicações, que poderiam ser consultados rapidamente (WAZLAWICK, 2016). No texto de Bush especulava-se sobre como a ciência e a tecnologia poderiam vir a modificar a forma de se pensar e organizar o conhecimento (CRUZ, 2011).

No final da década de 1930 e durante a década seguinte, surgiram os primeiros computadores, por exemplo, em ordem cronológica: *Bombe*, *ABC (Atanasoff-Berry Computer)*, *Complex Number Computer* (ou Modelo 1 de Stibitz), *RDA2 (Rockefeller Differential Analyzer II)*, *Colossus Mark I*, *IBM Automatic Sequence Controlled Calculator* – também chamado de *Harvard Mark I* –, *ENIAC (Electronic Numerical Integrator and Computer)* (WAZLAWICK, 2016).

Entre 1941 e 1944 foram conduzidos experimentos para identificar o papel desempenhado pelos genes dentro das células que possibilitava o controle de diferentes estados e características, por exemplo, como a cor de uma flor. Então, foi demonstrado que os genes codificam as enzimas, isto é, de que elas desempenham uma função metabólica dentro das células, uma vez que as enzimas realizam funções bioquímicas na célula. Já a evidência de que os genes são feitos no DNA (*deoxyribonucleic acid*), foi demonstrada ao extrair o DNA de uma cepa virulenta de bactérias, cujas informações genéticas poderiam transformar uma cepa não virulenta em uma cepa virulenta. Mas, surgiu a questão: Como a informação genética pode ser armazenada em uma molécula de DNA? A resposta veio em 1953, quando Watson e Crick (1953) determinaram que a estrutura molecular do DNA possuía a forma de dupla-hélice, isto é, dois filamentos de DNA entrelaçados em uma espiral. Desse modo, a sequência adenina (A), timina (T), guanina (G) e citosina (C), representa a informação que é codificada pela molécula de DNA, em que a adenina em um filamento sempre está pareada com a timina, e a guanina com a citosina.

Nesse mesmo ano, Sanger e Thompson (1953), relataram, em duas publicações científicas, a primeira sequência de uma proteína, da insulina (GRIFFITHS et al., 2016).

A informação genética deve apresentar quatro características: replicação, armazenamento de informações, expressão de informações e variação por mutação. Por meio da divisão da célula, ocorre a replicação do material genético; a molécula armazena informações genéticas que podem, ou não, se manifestarem na célula, a depender, por exemplo, de condições climáticas. É importante que o material genético codifique os produtos gênicos que são encontrados nas formas de vida, para que possam transmiti-la às células e aos organismos da prole; a expressão da informação, que compreende a transcrição do DNA, no qual três tipos principais de moléculas de RNA (*ribonucleic acid*) são sintetizadas: RNA mensageiro (mRNA), RNA transportador (tRNA) e RNA ribossômico (rRNA). Os mRNAs são traduzidos em proteínas, mediado pelos tRNAs e rRNAs, com cada um representando o produto de um gene específico, conduzindo à síntese de uma proteína.

Na tradução, o mRNA orienta a construção de uma cadeia de aminoácidos, chamada polipeptídeo, que, em seguida, se dobra em uma proteína. Ao final desse processo, forma-se o que ficou conhecido como o dogma central da genética molecular (CRICK, 1970), onde “o DNA produz o RNA, que produz as proteínas”; como o material genético é fonte de variabilidade entre os organismos, por meio de processos de mutação, ao ocorrer uma modificação na química do DNA, a alteração na transcrição e na tradução afeta a proteína (KLUG et al., 2010).

Durante o desenvolvimento de uma célula, elas necessitam de um mecanismo para ligar ou desligar os genes para formar tipos de células e tecidos específicos e em ocasiões específicas (GRIFFITHS et al., 2016). Conceitualmente, isso foi relatado por Jacob e Monod (1961), quando demonstraram que os genes apresentam elementos regulatórios, gene ligado ou desligado, denominado de expressão da informação gênica. Ou seja, os elementos regulatórios são sequências de DNA que recebem a ligação de uma proteína desempenhando a função de ativador ou repressor da expressão do gene (GRIFFITHS et al., 2016).

Em 1961, Crick et al. (1961), descobriram a unidade básica de uma proteína. Assim, foi possível deduzir como uma sequência de nucleotídeos no DNA, com cada um possuindo uma base, A, T, C ou G, codifica o conjunto de 20 aminoácidos para formar as proteínas. A partir de então, o código genético foi "desvendado", possibilitando a sua "leitura" (GRIFFITHS et al., 2016). Esse resultado foi publicado por Crick (1968), onde foram descritas as características gerais do código genético. Em 1965, houve o sequenciamento de nucleotídeos de um tRNA, do aminoácido chamado alanina (HOLLEY et al., 1965).

Na área da computação, a década de 1950, marcou o início da computação comercial, acessível às empresas e demais organizações. Surgiram os primeiros sistemas operacionais, o

disco magnético, as primeiras linguagens de programação e os transistores, pois, até então, os computadores operavam com válvulas (WAZLAWICK, 2016).

Na década seguinte foi inventado o circuito integrado, que possibilitou a construção de todo um conjunto de transistores a partir de um bloco único, sem a necessidade de soldas e fios. Também surgiu a comutação de pacotes, que permitiu a transmissão de informação entre computadores por diversos caminhos diferentes, em que ocorria a divisão da mensagem em pacotes de informação, dando origem ao princípio da rede de computadores, projetada pela ARPANET (*Advanced Research Projects Agency Network*). Outros exemplos de invenções dessa década incluem a tela sensível ao toque, a realidade virtual e aumentada, o notebook, os microprocessadores e a computação gráfica (WAZLAWICK, 2016). No início dessa década, Dayhoff e Ledley (1962), desenvolveram um sistema computacional com o objetivo de auxiliar na determinação da estrutura primária de proteínas. Posteriormente, foi criado um modelo molecular para ser visualizado por computador (LEVINTHAL, 1966).

No início da década de 1970, Ramachandran e Lakshminarayanan (1971), desenvolveram uma técnica para o processo matemático de reconstrução de um objeto em três dimensões. Quatro anos mais tarde, foi desenvolvida uma simulação computacional para demonstrar o enovelamento de proteína, ou seja, podendo visualizá-la na forma tridimensional (LEVITT; WARSHEL, 1975).

O avanço na capacidade de processamento dos computadores permitiu a criação de sistemas mais complexos. Por exemplo, Needleman e Wunsch (1970), desenvolveram um método adaptável por computador para encontrar semelhanças em duas sequências de proteínas. Para medir a similaridade de sequências, o algoritmo Needleman-Wunsch, por meio de programação dinâmica, encontra o alinhamento ótimo de pares de sequência, dividindo a sequência completa em segmentos menores. As semelhanças nas sequências recebem uma pontuação que são inseridas em uma matriz, e assim, o algoritmo detecta lacunas no alinhamento de sequências (LESK, n.d.). Anos depois, Murata, Richardson e Sussman (1985), estenderam o algoritmo *Needleman-Wunsch*, no sentido de possibilitar a comparação de três sequências biológicas, porém, o tempo de processamento para a sua execução tornou-o inviável. Então, dois anos mais tarde, Feng e Doolittle (1987), desenvolveram um outro algoritmo, também baseado no *Needleman-Wunsch*, que viabilizou a comparação de sequência de três proteínas.

Em 1972, houve a primeira sequência do Bacteriófago MS2, um vírus biológico (JOU et al., 1972). Quatro anos mais tarde, o genoma completo do vírus MS2 foi sequenciado (FIERS et al., 1976). As técnicas de sequenciamento de DNA continuaram evoluindo, por

exemplo, nas pesquisas relatadas por Sanger e Coulson (1975), Maxam e Gilbert (1977) e Sanger, Nicklen e Coulson (1977). Todos os esforços realizados nesse sentido viabilizaram métodos cada vez mais adequados para determinar a sequência de nucleotídeos das moléculas de DNA, tal como, a criação do programa computacional desenvolvido por Staden (1979).

No início da década de 1970 foi criado o primeiro vírus de computador. Nessa década também foram introduzidos os computadores para uso pessoal e o modem, que é um equipamento que permite a comunicação entre computadores através de rede telefônica. A ARPANET iniciou testes de conexão com outros órgãos, por meio do TCP/IP (*Transmission Control Protocol / Internet Protocol*) e surgiram os bancos de dados relacionais (WAZLAWICK, 2016). O surgimento dos bancos de dados permitiu o armazenamento dos dados biológicos, por exemplo, sequências de DNA, cujas estruturas são complexas, por conter inúmeros relacionamentos entre os elementos de dados e fragmentos de dados sobrepostos. No entanto, a aplicação da técnica computacional chamada de mineração de dados, que envolve análise estatística e inteligência artificial, possibilitou a análise dos dados (RAMAKRISHNAN; GEHRKE, 2011). A estatística também foi utilizada para obter a sequência de DNA, aplicando a técnica chamada *maximum likelihood* (FELSENSTEIN, 1981).

Em 1984, surgiram outros programas computacionais de manipulação genética, por exemplo, Malthiery et al. (1984) e Johnsen (1984). Outro programa foi desenvolvido por uma equipe da *University of Wisconsin Genetics Computer Group*, cujo conjunto de ferramentas computacionais recebeu o nome de GCG (DEVEREUX; HAEBERLI; SMITHIES, 1984).

Em 1962, um grupo de cientistas se reuniram para discutir sobre a possibilidade de se criar um laboratório internacional de biologia molecular, dando origem, no ano seguinte, a EMBO (*European Molecular Biology Organization*), que, mais tarde, em 1974, se constituiu como pessoa jurídica, originando o EMBL (*European Molecular Biology Laboratory*). E, em 1981, foi lançado o primeiro repositório de dados de sequência de nucleotídeos do mundo (EMBL, n.d.). No ano seguinte, o EMBL começa a trabalhar em cooperação com o GenBank (NCBI, n.d. a), pertencente ao NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) (NCBI, n.d. b) e solicitam auxílio do banco de dados japonês, que mais tarde, em 1987, oficialmente é inaugurado, recebendo o nome de DDBJ (*DNA Data Bank of Japan*); porém, já colaboravam com o projeto desde o início da década de 1980 (DDBJ, n.d.). Em 2005, DDBJ, EMBL e NCBI, em comum acordo, aceitam chamar a mútua colaboração de INSDC (*International Nucleotide Sequence Database Collaboration*) (INSDC, n.d.).

Em 1988, funcionários do EMBnet (*European Molecular Biology Network*) se uniram com colaboradores de outros locais para desenvolverem um pacote de extensão do programa GCG; o novo sistema recebeu o nome de EGCG, distribuindo-o de forma gratuita, porém, quando o GCG parou de liberar o código do seu programa, não foi possível mais distribuir o EGCC (RICE et al., 2009 a). Nesse contexto, surgiu, em 1996, o EMBOSS (*European Molecular Biology Open Software Suite*), cujo objetivo foi o de desenvolver ferramentas para análise de sequência molecular e fornecê-las de forma livre e gratuita (RICE et al., 2009 b).

Em 1985, foi estabelecida a primeira revista focada na publicação de trabalhos relacionados a computação biológica, chamada CABIOS (*Computer Applications in the Biosciences*) (BEYNON, 1985). Atualmente, a revista é intitulada *Bioinformatics* (OXFORD ACADEMIC, n.d.).

Na área da tecnologia da informação, a década de 1980 foi marcada pela popularização dos computadores pessoais e pelo surgimento da Internet, cujo marco foi alcançado quando a ARPANET se ligou a outras redes ao redor do mundo, principalmente órgãos governamentais e universidades. Nessa década já havia estudos e desenvolvimentos teóricos relacionados à computação quântica, bem como a descrição de como projetá-lo (WAZLAWICK, 2016).

Em 1995, pesquisadores do TIGR (The Institute for Genomic Research), Johns Hopkins University School of Medicine e State University of New York, foram os primeiros a conseguir a sequência completa do genoma de uma espécie de vida de uma bactéria, *Haemophilus influenzae* (FLEISCHMANN et al., 1995). O século XX terminou com o sequenciamento completo de um eucarionte, *Saccharomyces cerevisiae* (GOFFEAU et al., 1996); de um animal, *Caenorhabditis elegans* (C. ELEGANS SEQUENCING CONSORTIUM, 1998); e de uma planta, *Arabidopsis thaliana* (THE ARABIDOPSIS GENOME INITIATIVE, 2000).

Na década de 1990, a World Wide Web se consolidou como o principal serviço da Internet e o padrão de rede sem fio, *Wi-Fi*, foi criado, inspirado no padrão de redes a cabo, Ethernet (WAZLAWICK, 2016).

Em fevereiro de 2001, foram publicados os primeiros resultados do sequenciamento do genoma humano, em que, na revista *Nature*, incluíram análises de sequências iniciais geradas pelo Projeto Genoma Humano (LANDER et al., 2001), com patrocínio público; já na publicação da *Science* concentrou-se em relatar um rascunho da sequência (VENTER et al., 2001), obtida pela empresa privada Celera Genomics (LOPES, 2017). Em 2003, o Projeto Genoma Humano concluiu o sequenciamento de todos os genes de um ser humano (NATIONAL HUMAN GENOME RESEARCH INSTITUTE, 2018).

Em 2005, pesquisadores da *Life Science Corp.*, da *The Rockefeller University* e do *The Rothberg Institute*, relataram um sistema de sequenciamento, cujo método, segundo os autores, superou os melhores sistemas, sendo, portanto, o melhor de sua época (MARGULIES et al., 2005). Nesse ano também foi fundado o *Genomic Standards Consortium*, uma comunidade aberta para o desenvolvimento, implementação e padronização no campo genômico (FIELD et al., 2014).

Na primeira década do século XXI, os computadores estavam ligados em uma rede mundial, os dispositivos começaram a serem miniaturizados e, em 2007, foi apresentado o primeiro computador quântico (WAZLAWICK, 2016).

Dentro desse contexto, após a explicação de alguns conceitos e de relatos de acontecimentos históricos, uma definição mais completa de o que é bioinformática pode ser dada por Araújo et al. (2008): a bioinformática engloba o uso de programas computacionais para tratar dados biológicos e identificar sequências de genes, prever a configuração tridimensional das proteínas, identificar inibidores enzimáticos, promover o agrupamento de proteínas, estabelecer árvores filogenéticas (representação gráfica para demonstrar as relações evolutivas entre espécies) e analisar experimentos da expressão gênica. Nesse sentido, a bioinformática é responsável por ordenar e agrupar os resultados gerados pela análise de sequenciamento de genes, produzidos a partir das composições de DNA, RNA e proteínas. Portanto, devido a grande quantidade de dados biológicos, os biólogos moleculares passaram a utilizar métodos estatísticos capazes de analisá-los, e assim, deduzir funções de genes e a demonstrar relações entre genes e proteínas.

2. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Para iniciar esse ensaio de como a responsabilidade é um fator fundamental para orientar as ações humanas, as palavras do pensador e humanista argentino, Carlos Bernardo González Pecotche (1901-1963), fundador da Ciência Logosófica, nortearão a análise: "A liberdade, que é fundamento essencial da vida, forma o vértice do triângulo cuja base repousa no dever e no direito. Perante este ternário que plasma a síntese da responsabilidade humana, será preciso erguer a consciência dos homens e fazer com que ela se manifeste em todo o seu esplendor na sua potência máxima." (PECOTCHE, 2010, p. 199).

A liberdade, apoiada, de um lado pelo dever, e do outro, pelo direito, conduz a reflexão de que para o indivíduo ter liberdade, é necessário ponderar entre o seu dever, como indivíduo,

para com as demais pessoas, e só então, em seguida, verificar o seu direito. Ou seja, como poderá atuar sem ferir, em nenhuma circunstância, a liberdade ou o direito de outra pessoa.

Então, a liberdade de atuação de um indivíduo, ponderada pelo dever e pelo direito, sintetizará a essência da responsabilidade, pois, a atuação do indivíduo será dosada com o que deseja fazer com o que pode efetivamente fazer, para assim, manter a sua liberdade e a harmonia na sociedade.

Sendo a liberdade a atuação do indivíduo, alinhada com as suas predileções e com a sua vontade, de acordo com o que é seu direito, equilibrada com o seu dever, culminará na sua responsabilidade para com o semelhante. Dessa maneira, o senso de responsabilidade pode ser um princípio a ser considerado ao fazer uso da bioinformática. Em outras palavras, o resultado alcançado com a bioinformática, em hipótese alguma, poderá ferir outra pessoa. Nesse sentido, parte-se da responsabilidade, haja visto que, nesse conceito, está contido a liberdade, balanceada pelo dever e direito.

Portanto, a questão central em foco é: Como fazer uso da bioinformática com responsabilidade?

Fazendo um exercício de reflexão, expandindo as fronteiras para um panorama mais abrangente, por exemplo, de o ser humano considerar a responsabilidade para com todas as demais formas de vida do Planeta, e então, haverá de se considerar a responsabilidade como ponto de partida fundamental nas pesquisas, com bioinformática, que envolvam alteração genética, porque isso implica em ferir o direito da espécie de vida em continuar sendo o que a Natureza determinou, portanto, o uso da bioinformática produziu um resultado que feriu outro ser vivo, e, por consequência, não houve responsabilidade na atuação.

Tendo em vista de como a aplicação de princípios éticos pode nortear o uso que se faz das tecnologias, a seguir são relatadas as considerações finais, que incluem pontos de relações entre as ciências biológica e computacional.

3. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Neste trabalho foi relatado uma breve evolução da genética e dos computadores, traçando um paralelo entre ambos. E, em seguida, foi sugerido como considerar princípios éticos para orientar os profissionais de bioinformática a utilizá-la da melhor maneira.

Quando Mendel descobriu a lei de herança – em sua manifestação física –, até a construção dos primeiros computadores, transcorreram aproximadamente 70 anos. No entanto,

em seus experimentos, Mendel já havia utilizado técnicas estatísticas e matemática, fundamentando o que viria a ser, um século à frente, a denominada bioinformática.

Da Máquina de Turing até os computadores de uso pessoal, se passaram, aproximadamente, 40 anos; ao mesmo tempo em que os computadores se popularizavam, havia sido descrito o projeto de um computador quântico, que viria a ser construído, por volta de 30 anos depois.

De fato, houve um crescimento acelerado na área da ciência da computação. Nesse sentido, se torna ainda mais importante de que haja um maior diálogo entre os profissionais das diversas áreas do conhecimento com os profissionais da Tecnologia da Informação e Comunicação, para que, mutuamente, encontrem soluções adequadas relacionadas às questões éticas, amadurecendo o diálogo para lidar com as diferentes situações adversas que possam surgir.

Com relação ao paralelo traçado entre o progresso nas áreas da genética e da computação, pode-se destacar momentos em que uma área, em alguma medida, se relacionou, de forma mais estreita, com a outra.

Por exemplo, na década de 1970, houve o sequenciamento completo de um vírus biológico. Analogamente ao seu sequenciamento, em 1971, foi criado o primeiro vírus de computador, que, à semelhança de um vírus biológico, se replica e infecta outros computadores.

Na década de 1980, surgiram programas computacionais para sequenciamento genético. Por meio da World Wide Web, tais programas podiam fazer uso dos dados biológicos armazenados em repositórios centrais, como o do banco de dados do EMBL.

O século XX terminou com o sequenciamento completo de um animal e de uma planta, e no início do século seguinte, foi reportado a sequência completa do genoma humano. Portanto, pode-se inferir de que a introdução dos computadores viabilizou a obtenção do sequenciamento integral do genoma humano.

Por fim, toda a ciência deve ser praticada para melhorar a condição de vida dos seres humanos, considerando-o como foco central. Então, a questão a seguir ficará em aberto para posteriores trabalhos: Qual o papel a ética aplicada, seja a bioética, a ética computacional, ambas, ou ainda uma terceira vertente, pode desempenhar para contribuir no fornecimento de boas ideias ou indicações para se fazer um bom uso da bioinformática?

REFERÊNCIAS

- ARAÚJO, Nilberto Dias de *et al.* La era de la bioinformática: su potencial e implicaciones para las ciencias de la salud. *Estudios de Biología*, v. 30, n. 70/71/72, p. 143-148, 2008.
- BEYNON, R. J. CABIOS Editorial. **Bioinformatics**, v. 1, n. 1, p. 1, Jan. 1985.
- C. Elegans Sequencing Consortium. Genome Sequence of the Nematode *C. Elegans*: A Platform for Investigating Biology. **Science**, v. 282, n. 5396, p. 2012-2018, 11 Dez. 1998.
- CRICK, Francis H. C. *et al.* General Nature of the Genetic Code for Proteins. **Nature**, v. 192, p. 1227-1232, 30 Dez. 1961.
- CRICK, Francis H. C. The Origin of the Genetic Code. **Journal of Molecular Biology**, v. 38, n. 3, p. 367-379, 28 Dez. 1968.
- CRICK, Francis. Central Dogma of Molecular Biology. **Nature**, v. 227, p. 561–563, 8Ago. 1970.
- CROCETTI, Zeno. **Ética e Cidadania**. 1. ed. Curitiba: IESDE Brasil, 2012. CRUZ, Carlos Henrique Brito. Vannevar Bush: Uma Apresentação. **Revista Latinoamericana de Psicopatologia Fundamental**, São Paulo, v. 14, n. 1, Mar. 2011. Disponível em: https://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1415-47142011000100001. Acesso em: 13 set. 2020.
- DAYHOFF, Margaret Oakley; LEDLEY, Robert S.. Comproteín: A Computer Program to Aid Primary Protein Structure Determination. *In*: ASSOCIATION FOR COMPUTING MACHINERY. 1962. **Proceedings [...]** Nova Iorque, 1962. 262–274 p.
- DDBJ. **About DDBJ Center**. **DDBJ**. n.d. Disponível em: <https://www.ddbj.nig.ac.jp/aboutus-e.html>. Acesso em: 13 set. 2020.
- DEVEREUX, John; HAEBERLI, Paul ; SMITHIES, Oliver. A Comprehensive Set of Sequence Analysis Programs for the VAX. **Nucleic Acids Research**, v. 12, n. Issue1Part1, p. 387–395, 11 Jan. 1984.
- EMBL. **EMBL History**. **EMBL**. n.d. Disponível em: https://www.embl.de/aboutus/general_information/history/index.html. Acesso em: 13set. 2020.
- FELSENSTEIN, Joseph. Evolutionary Trees from DNA Sequences: A Maximum Likelihood Approach. **Journal of Molecular Evolution**, v. 17, p. 368–376, Nov. 1981.
- FENG, Da-Fei; DOOLITTLE, Russell F.. Progressive Sequence Alignment as a Prerequisite to Correct Phylogenetic Trees. **Journal of Molecular Evolution**, v. 25, p. 351–360, 1987.
- FIELD, Dawn *et al.* Genomic Standards Consortium Projects. **Standards in Genomic Sciences**, v. 9, n. 3, p. 599-601, 15 Jun. 2014.

FIERS, W. *et al.* Complete Nucleotide Sequence of Bacteriophage MS2 RNA: Primary and Secondary Structure of the Replicase Gene. **Nature**, v. 260, n. 5551, p.500-507, 8 Abr. 1976.

FLEISCHMANN, R. D. *et al.* Whole-genome Random Sequencing and Assembly of Haemophilus Influenzae Rd. **Science**, v. 269, p. 496-512, 28 Jul. 1995.

GOFFEAU, A. *et al.* Life with 6000 Genes. **Science**, v. 274, n. 5287, p. 546-567, 25 Out. 1996.

GRIFFITHS, Anthony J. F. *et al.* **Introdução à Genética**. Tradução Sylvia Werdmüller von Elgg Roberto. 11. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2016. Tradução de: Introduction to Genetic Analysis.

HOLLEY, R. W. *et al.* Structure of a Ribonucleic Acid. **Science**, v. 147, n. 3664, p.1462-1465, 19 Mar. 1965.

HONGLADAROM, Soraj. Ethics of Bioinformatics: A Convergence between Bioethics and Computer Ethics. **Asian Biotechnology and Development Review**, v. 9, n. 1, p. 37-44, Nov. 2006.

INSDC. **International Nucleotide Sequence Database Collaboration**. INSDC. n.d.. Disponível em: <http://www.insdc.org/>. Acesso em: 13 set. 2020.

JACOB, François; MONOD, Jacques. Genetic Regulatory Mechanisms in the Synthesis of Proteins. **Journal of Molecular Biology**, v. 3, n. 3, p. 318-356, Jun.1961.

JOHNSEN, Morten. JINN, an Integrated Software Package for Molecular Geneticists. **Nucleic Acids Research**, v. 12, n. Issue 1Part2, p. 657-664, 11 Jan. 1984.

JOU, W. *et al.* Nucleotide Sequence of the Gene Coding for the Bacteriophage MS2 Coat Protein. **Nature**, v. 237, p. 82-88, 12 Mai. 1972.

KENDREW, J. C. *et al.* A Three-Dimensional Model of the Myoglobin Molecule Obtained by X-Ray Analysis. **Nature**, v. 181, p. 662-666, 8 Mar. 1958.

KLUG, William S. *et al.* **Conceitos de Genética**. Tradução Maria Regina Borges-Osório Rivo Fischer. 9. ed. Porto Alegre: Artmed, 2010. Tradução de: Concepts of genetics.

LANDER, E. *et al.* Initial Sequencing and Analysis of the Human Genome. **Nature**, v.409, p. 860-921, 15 Fev. 2001.

LESK, Arthur M.. **Bioinformatics**. **Britannica**. n.d.. Disponível em: <https://www.britannica.com/science/bioinformatics>. Acesso em: 11 set. 2020.

LEVINTHAL, C.. Molecular Model-building by Computer. **Scientific American**, v.214, n. 6, p. 42-52, Jun. 1966.

LEVITT, Michael; WARSHEL, Arieh. Computer Simulation of Protein Folding. **Nature**, v. 253, p. 694-698, 1 Fev. 1975.

LOPES, Guilherme S.. Human Genome Project. *In*: ZEIGLER-HILL, Virgil. **Encyclopedia of Personality and Individual Differences**. 1. ed. Springer International Publishing, 2017, p. 1-4. Disponível em: https://link.springer.com/referenceworkentry/10.1007/978-3-319-28099-8_724-1. Acesso em: 13 set. 2020.

MALTHIERY, Bruno *et al.* Apple II Pascal Programs for Molecular Biologists. **NucleicAcids Research**, v. 12, n. Issue 1Part2, p. 569–579, 11 Jan. 1984.

MARGULIES, M. *et al.* Genome Sequencing in Microfabricated High-density Picolitre Reactors. **Nature**, v. 437, p. 376–380, 31 Jul. 2005.
Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, p. 560-564, Fev. 1977.

MOOR, James H. What is computer ethics?. **Metaphilosophy**, v. 16, n. 4, p. 266-275, 4 Out. 1985.

MURATA, M.; RICHARDSON, J. S.; SUSSMAN, J. L. Simultaneous Comparison of Three Protein Sequences. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 82, n. 10, p. 3073–3077, Mai. 1985.

NATIONAL HUMAN GENOME RESEARCH INSTITUTE. **Human Genome Project Timeline of Events**. **Genome**. 2018. Disponível em: <https://www.genome.gov/human-genome-project/Timeline-of-Events>. Acesso em: 17 set. 2020.

NCBI. **GenBank Overview**. NCBI. n.d. a. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>. Acesso em: 13 set. 2020.

NCBI. **Programs & Activities**. NCBI. n.d. b. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/home/about/programs/>. Acesso em: 13 set. 2020.

NEEDLEMAN, Saul B.; WUNSCH, Christian D.. A General Method Applicable to the Search for Similarities in the Amino Acid Sequence of two Proteins. **Journal of Molecular Biology**, v. 48, n. 3, p. 443-453, 28 Mar. 1970.

OXFORD ACADEMIC. **About the Journal**. **Academic**. n.d.. Disponível em: <https://academic.oup.com/bioinformatics/pages/About>. Acesso em: 13 set. 2020.

PECOTCHE, Carlos Bernardo González. **Coletânea da Revista Logosofia**: Tomo III. Tradução José Dalmy Silva Gama. 1. ed. São Paulo: Editora Logosófica, 2010. Tradução de: Colección de la Revista Logosofia.

RAMACHANDRAN, G. N.; LAKSHMINARAYANAN, A. V.. Three-dimensional Reconstruction from Radiographs and Electron Micrographs: Application of Convolutions instead of Fourier Transforms. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 68, n. 9, p. 2236-2240, 1 Set. 1971.

RAMAKRISHNAN, Raghu; GEHRKE, Cornell. **Sistemas de Gerenciamento de Bancos de Dados**. Tradução Célia Taniwake; João Eduardo Nóbrega Tortello. 3. ed. Porto Alegre: AMGH, 2011. Tradução de: Database Management Systems.

RICE, Peter *et al.* **History**: Background to EMBOSS. **EMBOSS**. 2009 a. Disponível em: <http://emboss.open-bio.org/html/use/ch01s01.html>. Acesso em: 13 set. 2020.

RICE, Peter *et al.* **Introduction to EMBOSS**. **EMBOSS**. 2009 b. Disponível em: <http://emboss.open-bio.org/html/use/pr02s01.html>. Acesso em: 13 set. 2020.

SANGER, F.; COULSON, A. R.. A Rapid Method for Determining Sequences in DNA by Primed Synthesis with DNA Polymerase. **Journal of Molecular Biology**, v. 94, n.3, p. 441-448, 25 Mai. 1975.

SANGER, F.; COULSON Chain-terminating Inhibitors. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 74, n. 12, p. 5463-5467, Dez. 1977.

SANGER, F.; THOMPSON, E. O. P. The Amino-acid Sequence in the Glycyl Chain of Insulin. I. The Identification of Lower Peptides from Partial Hydrolysates. **Biochemical Journal**, v. 53, n. 3, p. 366-374, Fev. 1953.

SANGER, F.; THOMPSON, E. O. P. The Amino-acid Sequence in the Glycyl Chain of Insulin. I. The Identification of Lower Peptides from Partial Hydrolysates. **Biochemical Journal**, v. 53, n. 3, p. 353-366, Fev. 1953.

STADEN, R. A Strategy of DNA Sequencing Employing Computer Programs. **Nucleic Acids Research**, v. 6, n. 7, p. 2601-2610, 11 Jun. 1979.

The Arabidopsis Genome Initiative. Analysis of the genome sequence of the flowering plant *Arabidopsis thaliana*. **Nature**, v. 408, p. 796-815, 14 Dez. 2000.

TURING, Alan M. On Computable Numbers, with an Application to the Entscheidungsproblem. **Proceedings of the London Mathematical Society**, v. s2-42, n. 1, p. 230-265, 1 Jan. 1937.

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

Villanova University. **Gregor Mendel's "Experiments in Plant Hybridization"**. Villanova University. n.d.. Disponível em: https://www1.villanova.edu/villanova/president/university_events/mendelmedal/about_mendel/experiments.html. Acesso em: 31 ago. 2020.

WATSON, James D.; CRICK, Francis H. C.. Molecular Structure of Nucleic Acids: A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid. **Nature**, v. 171, p. 737-738, 25 Abr. 1953.

WAZLAWICK, Raul Sidnei. **História da Computação**. 1. ed. Rio de Janeiro:Elsevier, 2016.