

# 26

## PERSPECTIVA HISTÓRICA DE GRANDES EVENTOS DA CIÊNCIA DA COMPUTAÇÃO E NA BIOLOGIA MOLECULAR: SEGUNDA GUERRA E GUERRA FRIA

Autores 26.1

Monique Cristina dos Santos , Aline de Paula Dias da Silva 

Revisão: Izabela M. C. A. Conceição 

Cite este artigo 26.1

Santos, MC; Silva, APD. **Perspectiva histórica de grandes eventos da ciência da computação e na biologia molecular: segunda guerra e guerra fria.** BIOINFO. ISSN: 2764-8273. Vol. 3. p.26 (2023). doi: 10.51780/bioinfo-03-26

## Resumo 26.1

**M**UITAS vezes, quando falamos sobre a história da genética ou da computação, negligenciamos o contexto histórico em que os principais eventos ocorreram, concentrando apenas nas evoluções científicas e no progresso que ocorreram até o momento presente.

Raramente lemos sobre a influência da conjuntura política nesses avanços. Essa abordagem pode nos levar a acreditar que as ciências naturais e matemáticas são objetivas, imparciais e desconectadas da política e economia.

Neste artigo, nosso objetivo é realizar uma revisão de alguns eventos importantes, com o propósito de refletir sobre como uma porção da ciência da computação e da biologia molecular interagiu com as demandas políticas e sociais do nosso planeta. Vamos explorar como esses avanços científicos foram moldados e influenciados pelo contexto político e social em que ocorreram. Dessa forma, poderemos entender melhor a interseção entre a ciência e as questões políticas do mundo.

### 26.1 Quando tudo ainda era mato!

Essa expressão é frequentemente usada na internet para se referir a momentos muito distantes do presente, quando os avanços tecnológicos eram escassos, ou seja, uma época histórica! Estudos indicam que o crescimento econômico passa por fases de expansão e declínio que podem durar décadas, esse ciclo de expansão e declínio é chamado de ondas longas. Na teoria das ondas longas ou Teoria Kondratieff, o momento da expansão é marcado pelo surgimento de inovações tecnológicas que levam ao crescimento industrial e o desenvolvimento de novos mercados que duram por décadas, no entanto, as forças do mercado levam à saturação industrial que culminam na contração. Dentre as forças do mercado, uma das mais conhecidas é a lei da oferta e demanda, que é basicamente o aumento do valor do produto quando a demanda do consumidor é alta frente à baixa oferta do mercado, entretanto, quando há um aumento na oferta e não há demanda do consumidor, os valores tendem a cair [1]. Nesse contexto, alguns

autores acreditam que a primeira recessão econômica do século passado começou no final da Segunda Guerra Mundial (1945) e durou até 1973, onde se iniciou a expansão que terminou em 1992. Esse período é marcado pela instabilidade da Segunda Guerra Mundial e da Guerra Fria que conflagrou um ambiente bélico a nível mundial interferindo diretamente na ciência e na tecnologia [2]. Por isso, vamos contar uma breve história que mescla disputas sócio-políticas, com os avanços na tecnologia e ciência molecular, como um elemento para se discutir a relação entre ciência e sociedade (Figura 1).

A máquina de Turing é considerada o conceito básico da tecnologia computacional moderna. Criada por Alan Mathison Turing entre os anos de 1936 e 1945, a máquina de Turing teve contribuições significativas para a história da computação. Em primeiro lugar, proporcionou um modelo matemático simples para uma máquina de computação universal. Em segundo lugar, participou da criação dos primeiros computadores digitais programáveis. E, por último, sua definição filosófica operacional influenciou o campo da inteligência artificial, uma vez que os programas são formas de dados que podem ser manipulados por outros programas [3].

Em 1936, o cenário sociopolítico europeu já estava marcado por avanços nazistas, como a invasão italiana da Etiópia, conhecida como a invasão da Abissínia, que ocorreu em 3 de outubro de 1935. Alan Turing, após sua primeira publicação, partiu para Princeton para realizar pesquisas mais avançadas em lógica, e retornou em 1938, apenas um ano antes do início da Segunda Guerra Mundial. Com o início do conflito global em 1939, ele integrou o corpo de Inteligência como líder da sessão Hut-8, responsável por decifrar mensagens dos navios alemães, contribuindo diretamente para o esforço de guerra dos Aliados (o grupo de países que combateu o nazismo). Seu trabalho nas máquinas de cifragem criptográficas persistiu até 1945, tornando-o uma figura científica proeminente e com exposição às tecnologias mais avançadas da época [4]. É relevante ressaltar que nesse período histórico muitos avanços tecnológicos da indústria, das Universidades e do Governo federal foram impulsionados por financiamentos militares, baseados no plano de sistema de inovação nacional [5].

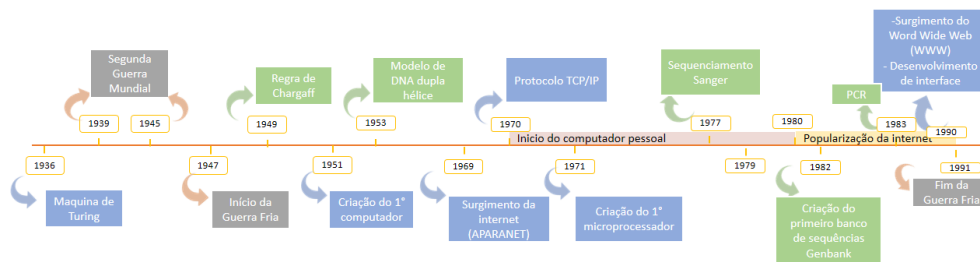


Figura 26.1: Linha do tempo comparativa entre avanços na bioinformática e o contexto político dos eventos do último século. Marcados em cinza são os eventos políticos, em azul os surgimento dos avanços nas pesquisas computacionais e em verde os principais eventos na história da biologia molecular. Fonte: Próprio autor

## 26.2 Chegou a Guerra Fria...

Os anos seguintes à Segunda Guerra foram marcados por tensões entre os Estados Unidos da América e a União Soviética, em um período conhecido como Guerra Fria, que se estendeu de 1947 a 1991. Esse evento sócio-político é descrito por especialistas como uma época de grandes avanços tecnológicos e científicos, uma vez que o conflito entre comunismo e capitalismo estimulou investimentos em ciência para fortalecer o poder bélico, resultando em ameaças nucleares significativas [6].

Na linha do tempo dos eventos de descobertas nas ciências biológicas, destacamos os avanços no entendimento do DNA. A Regra de Chargaff, descoberta pelo bioquímico austríaco emigrado para os Estados Unidos, Erwin Chargaff, em 1949, revelou a composição e a ligação das bases nitrogenadas. As bases nitrogenadas Timina se ligam à Adenina, assim como Citosina se liga à Guanina, por meio de pontes de hidrogênio. Notavelmente, as quantidades de pares de bases são equivalentes entre si, em condições estáveis [7]. A segunda descoberta, publicada na Nature, refere-se à pesquisa inglesa sobre a estrutura tridimensional do DNA, descrevendo a dupla fita da molécula com base em cálculos a partir das imagens de raios-x obtidas por Rosalind Franklin [8, 9]. Watson e Crick receberam o Prêmio Nobel em Medicina por sua descoberta do modelo de dupla hélice mais estável em solução da molécula de DNA. Durante os anos 50, esses cientistas continuaram a fazer importantes descobertas moleculares. Francis

Crick, descreveu o RNA transportador (RNAt), uma molécula responsável por transportar informações contidas no RNA mensageiro para serem traduzidas, e em 1958 escreveu o que hoje conhecemos como Dogma Central da Biologia Molecular [10]. Alguns pesquisadores desvinculam as descobertas de Watson e Crick do contexto bélico da Guerra Fria, afirmando que essas descobertas científicas seriam possíveis em uma Inglaterra pacífica [11]. No entanto, é fundamental reconhecer o papel da Inglaterra na Guerra Fria, sua aliança com os Estados Unidos, sua presença como um dos países fundadores da OTAN e a primeira nação, após os Estados Unidos e a União Soviética, a produzir armas nucleares independentes [12]. Assim, não estamos relacionando levemente Watson e Crick ao cenário da Guerra Fria, como se estivessem trabalhando para a inteligência inglesa. Nossa abordagem é mostrar que a Inglaterra estava inserida no contexto da Guerra Fria e que, naquele momento, as descobertas científicas estavam em disputa entre os dois blocos polarizados. Nesse primeiro momento, a pesquisa científica molecular tinha um foco maior na compreensão da estrutura do DNA.

No final da década de 1960, surgiu a ARPANET (Advanced Research Projects Agency Network), considerada a precursora da internet, como a primeira rede descentralizada de computadores. Financiada pelo Departamento de Defesa dos Estados Unidos, seu propósito era o de fomentar a pesquisa básica e garantir a troca de informações entre instituições, mesmo em casos de guerra ou desastres naturais [13]. A ARPANET foi uma resposta ao lançamento do Sputnik pela União Soviética [14]. Atualmente, o TCP/IP (Protocolo de Controle de Transmissão/Protocolo de Internet) é a tecnologia base da internet, que compreende um conjunto de regras para a comunicação na rede. A discussão sobre a relação da criação da internet com a Guerra Fria abrange diferentes perspectivas, desde sua origem até sua disseminação e estrutura, que alguns acreditam ter sido possível graças à hegemonia norte-americana. Além disso, há quem considere a maior contribuição da internet para a Guerra Fria relacionada aos dados que puderam ser obtidos através dela [15]. Entretanto, nosso propósito aqui é demonstrar como a ciência e a política se entrelaçam, embora nem sempre essa relação seja tão clara ou direta quanto se espera. A condução de um país pode influenciar direta ou indiretamente as linhas de pesquisa do momento, tornando-as mais possíveis de acontecer do que em qualquer outro período histórico.

Com base nessa linha de raciocínio, avançaremos um pouco na cronologia e chegamos ao sequenciamento Sanger. Nesse ponto, a tecnologia já havia avançado, com redução do tamanho dos processadores e o início da disseminação do uso do computador pessoal, em 1977. Vale ressaltar que a técnica de sequenciamento Sanger é anterior à descoberta do PCR. Em 1972, foram realizadas técnicas de extração, amplificação e sequenciamento em um vírus bacteriófago X174, que infecta a bactéria *Escherichia coli* [16]. Seu genoma é composto por aproximadamente 5.386 nucleotídeos. Naquela época, a extração era realizada através da infecção da colônia bacteriana para aumentar a quantidade viral, seguida da extração do DNA por meio de lise celular e purificação. A amplificação era feita através de vetores clonais de bactérias, e o sequenciamento no tipo Sanger era a técnica utilizada [17]. Essa metodologia permitiu avanços significativos no campo da genética e abriu caminho para pesquisas futuras no sequenciamento de DNA. É importante mencionar que a primeira sequência completa de 200 pares de bases (pb) de DNA também foi obtida pelo bioquímico britânico Frederick Sanger. Em 1972, ele já havia desenvolvido um protótipo do sequenciamento Sanger, que envolvia cadeias complementares de diferentes tamanhos ligadas ao fragmento de DNA alvo. A sequência era obtida através da análise das cores dos ddNTPs marcados com uma fluorescência, após a separação das cadeias resultantes por tamanho e radioatividade através de um gel de poliacrilamida [17]. Por suas contribuições, Sanger foi agraciado com o Prêmio Nobel de Química novamente em 1980, após ter recebido o mesmo prêmio em 1958 por desvendar a estrutura da proteína Insulina.

Chegamos a 1979, e o cenário científico desse momento era marcado pela descoberta de muitas sequências e proteínas, todas elas disponíveis de forma particular. Diante disso, 30 biólogos computacionais da Universidade Rockefeller em Nova York decidiram que era o momento ideal para criar um banco de sequências, com o objetivo de agrupar e catalogar todas as informações obtidas [18]. Porém, com os Estados Unidos envolvidos na Guerra Fria e enfrentando uma grande recessão, os pesquisadores buscaram apoio junto ao National Institutes of Health (NIH). No entanto, a resposta do instituto demorou, e foi então que o European Molecular Biology Laboratory (EMBL), na Europa, lançou o primeiro banco de sequências em 1980. Três anos após a ideia inicial, surgiram duas

candidaturas para financiar esse banco de dados. A primeira candidatura foi apresentada por Dayhoff, que possuía um pioneiro bancos de dados de sequências proteicas, colecionadas desde o início dos anos 1960. Entretanto, tal qual os Museus de História Natural, Dayhoff recebia dos pesquisadores diretamente antes de serem publicizados. Esse modelo de projeto não obteve tanto sucesso, pois a publicação dos dados em seu atlas não garantia a autoria ou a prioridade [19].

A segunda candidatura foi proposta por Los Alamos, que tinha um projeto muito parecido com o de Dayhoff, mas com processos de autoria e prioridade melhor definidos. Walter Goad, defensor de Los Alamos, percebeu que o laboratório era um bom lugar para a criação do banco de dados, dada sua capacidade computacional. Ele também se reuniu com alguns laboratórios europeus que contribuíram com informações para o banco de sequências. Um fator político também influenciou na escolha do laboratório. A Suprema Corte dos EUA havia declarado que “qualquer coisa feita pelo homem, incluindo organismos geneticamente modificados, poderia ser patenteada [19]”. Goad sustentava que os dados deviam ser públicos e disponíveis na ARPANET, a precursora da internet. Enquanto Dayhoff só poderia disponibilizar os dados por meio de modems telefônicos, com acesso online limitado. Goad venceu a disputa, e o Los Alamos se tornou o GenBank. O sucesso do GenBank foi atribuído à sua aliança com o EMBL e posteriormente com o banco japonês DNA Databank of Japan (DDBJ), criando a União Internacional de Bancos de Dados de Sequências (INSDC) [20].

Finalmente, chegamos ao último evento antes de falarmos sobre o DNA barcoding: o surgimento do PCR em 1983. Kary B. Mullis conta que teve a ideia da Polymerase Chain Reaction (PCR) enquanto dirigia um carro à noite, na região das sequóias do norte da Califórnia [21]. É interessante notar que os anos do surgimento do GenBank são próximos ao surgimento do PCR, e, conseqüentemente, houve um aumento significativo no número de sequências armazenadas no GenBank, facilitado pelo acesso a novas ferramentas de sequenciamento.

Podemos afirmar que no pós-Guerra Fria, a genética humana obteve muitos incentivos, impulsionados principalmente por três pontos principais: (I) projetos

relacionados à raça e identidade nacional, pois as características hereditárias das populações eram vistas como relevantes para a saúde da nação, sua história e futuro; (II) as ameaças atômicas incentivaram projetos sobre hereditariedade, uma vez que se acreditava que a radiação afetava diretamente a herança genética; (III) a busca pela reconstrução do Genoma humano, permitindo conhecer marcadores importantes no código genético, o que poderia ser muito útil para fins comerciais e econômicos [22].

### **26.3 Nova Era...**

Após o término da Guerra Fria, a preocupação com o futuro era latente, uma vez que um novo século estava prestes a começar e a degradação ambiental se mostrava um desafio crescente. Essa necessidade de conhecer melhor a biodiversidade ficou evidente com a realização, um ano após o fim da Guerra Fria, da Conferência das Nações Unidas sobre o Meio Ambiente e o Desenvolvimento (ECO-92). Seu principal objetivo era debater o cenário ambiental global e propor medidas para a proteção do meio ambiente.

Nesse contexto, a metodologia de análise genética estava em ampla utilização, com pesquisas envolvidas recebendo considerável apoio financeiro. Porém, havia uma demanda significativa para conhecer melhor o meio ambiente, e a escassez de taxonomistas, especialistas que demandam muitos anos de formação, apresentava-se como um desafio adicional. Surgia, portanto, um novo conflito: como cuidar da biodiversidade se ainda a conhecemos de forma limitada? A resposta veio com o avanço da bioinformática e o aprimoramento tecnológico no sequenciamento ao longo dos anos [23].

### **26.4 Conclusão**

Em vez de focarmos apenas na perspectiva da ciência nas últimas duas grandes guerras mundiais, também poderíamos discutir como a ciência precisou se adaptar à pandemia da COVID-19 diante das decisões políticas. Além disso, há ainda a relevância da oceanografia, química e física no contexto da Guerra Fria. Engana-se quem pensa que nossas pesquisas, por serem aparentemente

imparciais, não impactam na sociedade ou não são impactadas pelos eventos sociais da época. Sempre haverá influência da sociedade, seja nas perguntas que fazemos ou nas respostas que buscamos e suas possibilidades de aplicação. A ciência e a sociedade estão intrinsecamente entrelaçadas, nossas pesquisas causam impactos sociais, tanto quanto a sociedade impacta nossas pesquisas e juntas elas seguem moldando o curso da história e delineando nosso futuro.

#### Saiba mais 26.1

Este artigo está disponível em <https://bioinfo.com.br/perspectiva-historica-de-grandes-eventos-da-ciencia-da-computacao-e-na-biologia-molecular-segunda-guerra-e-guerra-fria/>

## 26.5 Referências

- [1] Kondratieff, Nikolai D. "The long waves in economic life." Review (Fernand Braudel Center) (1979): 519-562.
- [2] Coccia, Mario. "A theory of the general causes of long waves: War, general purpose technologies, and economic change." *Technological Forecasting and Social Change* 128 (2018): 287-295. [3] French, Robert M. "The Turing Test: the first 50 years." *Trends in cognitive sciences* 4.3 (2000): 115-122.
- [4] Hodges, Andrew. "Alan turing." (2002).
- [5] Mowery, David C., and Nathan Rosenberg. "The US national innovation system." *National innovation systems: A comparative analysis* (1993): 29-75.
- [6] Wang, Jessica. *American science in an age of anxiety: Scientists, anticommunism, and the Cold War*. Univ of North Carolina Press, 1999.
- [7] Manchester, Keith L. "Historical Opinion: Erwin Chargaff and his 'rules' for the base composition of DNA: why did he fail to see the possibility of complementarity?." *Trends in biochemical sciences* 33.2 (2008): 65-70.
- [8] Watson, James D., and Francis Crick. "A structure for deoxyribose nucleic acid." (1953): 737.
- [9] Danylova, T. V., and S. V. Komisarenko. "Standing on the shoulders of giants: James Watson, Francis Crick, Maurice Wilkins, Rosalind Franklin and the birth of molecular biology." *Ukr Biochem J* 92.4 (2020): 154-165.

- [10] Crick, Francis H. "On protein synthesis." *Symp Soc Exp Biol*. Vol. 12. No. 138-63. 1958.
- [11] Petsko, Gregory A. "War and peace." *Genome biology* 4.5 (2003): 1-2.
- [12] Pannier, Alice. "From one exceptionalism to another: France's strategic relations with the United States and the United Kingdom in the post-Cold War era." *Journal of strategic studies* 40.4 (2017): 475-504.
- [13] Hauben, Michael, and R. Hauben. "Behind the net: the untold history of the ARPANET and computer science." *Netizens: on the history and impact of Usenet and the internet* (2006).
- [14] Lammler, Todd. "Introduction to TCP/IP." (2020): 63-104.
- [15] Townes, Miles. "The spread of TCP/IP: How the Internet became the Internet." *Millennium* 41.1 (2012): 43-64.
- [16] Kulski, Jerzy K. "Next-generation sequencing—an overview of the history, tools, and "Omic" applications." *Next generation sequencing-advances, applications and challenges* 10 (2016): 61964.
- [17] Heather, J. M., Chain, B. (2016). The sequence of sequencers: The history of sequencing DNA. *Genomics*, 107(1), 1-8.
- [18] Pauli, Jonathan N., Shawn A. Steffan, and Seth D. Newsome. "It is time for IsoBank." *BioScience* 65.3 (2015): 229-230.
- [19] Strasser, Bruno J. "GenBank–Natural History in the 21st Century?." *Science* 322.5901 (2008): 537-538.
- [19] V. Chakrabarty, Diamond. *Intellectual Property Strategy in Bioinformatics and Biochips* 85.
- [20] Strasser, B. J. (2008). GenBank–Natural History in the 21st Century?. *Science*, 322(5901), 537-538.
- [21] Mullis, Kary B. "The unusual origin of the polymerase chain reaction." *Scientific American* 262.4 (1990): 56-65.
- [23] Lindee, Susan. "Scaling up: human genetics as a Cold War network." *Studies in History and Philosophy of Science Part C: Studies in History and Philosophy of Biological and Biomedical Sciences* 47 (2014): 185-190.