

UNIVERSIDADE FEDERAL DO ESTADO DO RIO DE JANEIRO
CENTRO DE CIÊNCIAS HUMANAS
ESCOLA DE BIBLIOTECONOMIA

CATHERINE EVELYN LOBATO LEITE MACHADO

INFORMAÇÃO CIENTÍFICA EM GENÔMICA DO CÂNCER: Uma abordagem
egocêntrica elaborada no CiteSpace

Rio de Janeiro

2015

CATHERINE EVELYN LOBATO LEITE MACHADO

INFORMAÇÃO CIENTÍFICA EM GENÔMICA DO CÂNCER: Uma abordagem
egocêntrica elaborada no CiteSpace

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado à Escola de
Biblioteconomia da Universidade Federal do Estado do
Rio de Janeiro, como requisito parcial à obtenção do
grau de Bacharel em Biblioteconomia.

Orientadora: Profa. Lidiane dos Santos Carvalho

Rio de Janeiro

2015

Machado, Catherine Evelyn Lobato Leite

M149i Informação científica em genômica do câncer: uma abordagem egocêntrica elaborada no CiteSpace / Catherine Evelyn Lobato Leite Machado. – 2015.

69 f. : il. color.

Orientadora: Profa. Dra. Lidiane dos Santos Carvalho

Trabalho de conclusão de curso (Graduação em Biblioteconomia) – Universidade Federal do Estado do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, 2015.

Inclui apêndice, anexo e bibliografia

1. Genômica do câncer. 2. Comunicação científica. 3. Análise de Redes Sociais (ARS). 4. CiteSpace. I. Cavalho, Lidiane dos Santos. II. Título.

CDU: 001.102:575.111

CATHERINE EVELYN LOBATO LEITE MACHADO

INFORMAÇÃO CIENTÍFICA EM GENÔMICA DO CÂNCER: Uma abordagem
egocêntrica elaborada no CiteSpace

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado à Escola de
Biblioteconomia da Universidade Federal do Estado do
Rio de Janeiro, como requisito parcial à obtenção do
grau de Bacharel em Biblioteconomia.

Orientadora: Profa. Lidiane dos Santos Carvalho

Aprovado em _____ de _____ 2015.

BANCA EXAMINADORA

Profa. Dra. Lidiane dos Santos Carvalho (Orientadora)
Universidade Federal do Estado do Rio de Janeiro

Profa. Dra. Maria Cristina Soares Guimarães
Instituto de Comunicação e Informação Científica e Tecnologia em Saúde - Fiocruz

Profa. Dra. Simone da Rocha Weitzel
Universidade Federal do Estado do Rio de Janeiro

Aos meus pais José Edson e Ana Cristina, ao meu esposo David Jr., a minha irmã Caroline e ao futuro da minha família.

AGRADECIMENTOS

Grandes coisas fez o Senhor e por isso estou alegre.

Primeiramente agradeço a Deus por ser meu alicerce, meu sustento, minha alegria e minha fonte de energia diária. Obrigada meu Deus por tudo que eu conquistei até aqui e por tudo que ainda irei conquistar. Obrigada por ter me dado à chance de adentrar pelas portas da UNIRIO, por ter realizado meu sonho naquele verão 2011 e pelo agora também.

Agradeço aos meus pais (José Edson e Ana Cristina), meus exemplos, minhas joias raras. Obrigada por não terem desistido de mim. Obrigada pelo amor, pela confiança e pelo incentivo de cada dia. Esse trabalho também é dedicado a vocês. Eu os amo muito.

Agradeço ao meu esposo David Jr com quem aprendo todos os dias. Muito Obrigada meu “mô” por estar sempre me apoiando e por ser um esposo tão especial e tão amoroso. Em um futuro próximo você estará apresentando o seu TCC e eu estarei ao seu lado para te auxiliar assim como você me auxiliou. Muito obrigada pelo amor e pela paciência. Te amo!

Agradeço a minha irmã pelo apoio e carinho de sempre. Obrigada por tudo minha irmã. Sem você não haveria graça. Também te amo.

Aos meus familiares e amigos que me ajudaram de forma direta e indireta, seja com ações, palavras de apoio ou com orações.

Agradeço as amigas que Deus me deu através da UNIRIO: Letícia Coelho, Maria Cecília Fernandes e Vanessa Batista. Muito obrigada meninas por terem dado cor e alegria as minhas manhãs e por terem tornado a caminhada mais fácil e descontraída.

Agradeço a minha professora e orientadora Lidiane Carvalho por ter sugerido este tema que é tão perfeito para mim. Por ter sido atenciosa e por ter me dado todo apoio necessário. Obrigada por ter dividido comigo as suas experiências, por acreditar em mim e me fazer ver que eu poderia fazer mais do que eu já havia feito.

Agradeço ao meu tio Marcelo Lobato que também com muita generosidade me auxiliou na revisão final deste trabalho.

Agradeço a minha conterrânea Rosangela Cordeiro S. Assef Neto por toda atenção e apoio com o CiteSpace. Sem você não seria um possível um passo.

E a minha cunhada Gedale Machado por estar sempre disposta a me socorrer.

A todos o meu muito Obrigada!

RESUMO

Apresenta sucintamente um pequeno histórico e também conceitos sobre a genômica do câncer. Aborda a relevância da divulgação das pesquisas e descobertas nessa área e menciona os projetos que culminaram para o seu sucesso. Tem como objetivo mapear os pesquisadores e suas temáticas, a fim de entender a estrutura da comunicação científica em uma rede na genômica do câncer, por meio da abordagem egocêntrica. Proporciona uma visão geral da comunicação científica na genética, dos principais conceitos da comunicação científica e também da ARS. A metodologia empregada foi a ARS egocêntrica para a interpretação das interações entre os nós da rede e também para entender como é realizado o compartilhamento informacional, tendo como nó central a pesquisadora Anamaria Aranha Camargo. Para a construção dos dados foi necessária a pesquisa de produção científica na Web of Science e o uso da ferramenta CiteSpace. Este trabalho alcançou os objetivos propostos. Investigou-se a produção científica do nó central, obtiveram-se as informações necessárias dos atores da rede de Anamaria, as áreas mobilizadas por ela foram especificadas e visualizaram-se as formas de cooperação entre os nós e o período de maior produção. Conclui que a ARS é um método eficaz ao analisar as interações entre os nós, que a rede egocêntrica mesmo como nó central que é a autoridade científica não apresenta hierarquia e sim um interesse mútuo de produzir conhecimento. Por último, contribui para a disseminação da ARS egocêntrica para análise de estruturas da comunicação científica e também o uso do CiteSpace na biblioteconomia.

Palavras-chave: Genômica do câncer. Comunicação Científica. Análise de Redes Sociais (ARS). Compartilhamento de informações. CiteSpace.

ABSTRACT

Succinctly presents a brief history and also concepts of genomic cancer. Discusses the importance of dissemination of research and discoveries in this area and mentioned the projects that led to their success. Aims to map the researchers and their subjects in order to understand the structure of scientific communication in a network in genomics of cancer, through self-centered approach. Provides an overview of scientific communication in genetics, the main concepts of scientific communication and also the ARS. The methodology used was the ARS egocentric for the interpretation of the interactions between network nodes and also to understand how it is done the informational sharing, with the central node at AnamariaAranha Camargo researcher. For the construction of the data to scientific production of research it was necessary in Web of Science and the use of CiteSpace tool. This work has achieved the proposed objectives. The scientific production of the central node is investigated, we obtained the information from the actors Anamaria network, the areas mobilized by it were specified and visualized forms of cooperation between us and the period of greatest production. Concludes that the ARS is an effective method to analyze the interactions between nodes, the network self-centered even with the central node which is the scientific authority has no hierarchy, but a mutual interest to produce knowledge. Finally, it contributes to the spread of ARS egocentric to scientific communication structures analysis and also the use of CiteSpace in librarianship.

Keywords: genomics of cancer. Scientific communication. Social Network Analysis (SNA). Information sharing. CiteSpace.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 – Características da Comunicação Científica na Genética.....	30
Figura 2 - Rede de co-autoria da pesquisadora AnaMaria Aranha Camargo.....	47
Figura 3 – Mapa Conceitual das áreas do conhecimento mobilizadas por Anamaria Aranha Camargo.....	51
Figura 4 - Clusters da Rede de AnaMaria Aranha Camargo.....	52
Figura 5 - Clusters sob a etiqueta de título (T).....	53
Figura 6 - Clusters sob a etiqueta de Palavras-chave (k).....	53
Figura 7 - Clusters sob a etiqueta de resumos (A).....	54
Figura 8 – Exemplo de Centralidade de grau no CiteSpace	55

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Canais formais e informais.....	33
Tabela 2 - Perfil dos atores da rede de Anamaria Aranha Camargo.....	47
Tabela 3 - Tabela de centralidade de grau dos hubs da rede de AnaMaria Aranha Camargo.....	56

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

ARS – Análise de Redes Sociais

CC – Comunicação Científica

CEHG-CEL - Centro de Pesquisa sobre o Genoma Humano e Células-tronco

cDNA – DNA complementar

CNPQ/MCTI - Conselho Nacional de Desenvolvimento científico e tecnológico

DNA – Ácido desoxirribonucléico

EUA – ESTADOS UNIDOS DA AMÉRICA

ESTs – Etiqueta de sequências expressas (do inglês “Expressed Sequence Tags”)

FAPESP – Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo

ICGC - Consórcio Internacional do Genoma Humano do câncer (do inglês International Cancer Genome Consortium)

mRNA – RNA mensageiro

ONSA - "Organization of Nucleotide Sequencing and Analysis"

ONU – Organizações das Nações Unidas

ORESTES - “Open Reading Frame ESTs”

PCR - Reação em cadeia da polimerase (do inglês “Polymerase Chain Reaction”)

PGH – Projeto Genoma Humano

PNET - Tumor neuroectodérmico primitivo

RNA - Ácido Ribonucléico

SBG – Sociedade Brasileira de Genética

SNC – Sistema Nervoso Central

TICs – Tecnologias de Informação e Comunicação

THA - Triple Helix Association

THERG - Triple Helix Research Group Brazil (THERG)

TWAS - Third World Academy of Science

Unicamp - Universidade Estadual de Campinas

USP - Universidade de São Paulo

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO.....	13
2	JUSTIFICATIVA.....	17
3	GENÔMICA DO CÂNCER: UMA CIÊNCIA PREDITIVA.....	18
3.1	CÂNCER E GENÔMICA.....	19
3.2	PROJETO GENOMA HUMANO.....	22
4	APORTE TEÓRICO.....	29
4.1	COMUNICAÇÃO CIENTÍFICA E OS ESTUDOS DE PRODUÇÃO DE CONHECIMENTO NO CAMPO DA GENÉTICA HUMANA.....	29
5	ANÁLISE DE REDES SOCIAIS.....	36
6	METODOLOGIA.....	40
6.1	REDES SOCIAIS COMO MÉTODO DE ANÁLISE INFORMACIONAL NOS ESTUDOS DAS ESTRUTURAS DE COMUNICAÇÃO CIENTÍFICA.....	40
6.2	A ESCOLHA POR ANAMARIA ARANHA CAMARGO: nó central da rede.....	41
6.3	INSTRUMENTO METODOLÓGICO DE VISUALIZAÇÃO DE REDES: O CITESPACE.....	43
6.3	A CONSTRUÇÃO DOS DADOS NO CITESPACE.....	45
7	OS RESULTADOS E A SUA DISCUSSÃO.....	45
8	CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	57
	REFERÊNCIAS.....	60
	APÊNDICES.....	69

1 Introdução

Em 1990, através de uma iniciativa do governo estadunidense, foi lançado o Projeto Genoma Humano que teve como parceiros iniciais a Inglaterra, a França, a Alemanha, o Canadá e o Japão. Este projeto repercutiu em diversos campos do conhecimento, entre eles as ciências biológicas e as ciências sociais. Cabe destacar a colaboração entre as equipes de pesquisa que devido as suas cooperações alcançaram os primeiros resultados antes do previsto. Esta sem dúvida foi a grande marca deste projeto.

Assim, logo no começo do século XXI, mais precisamente no ano de 2003, acontece o grande marco das ciências biológicas que por meio deste projeto bastante audacioso mobilizou vários países em prol do sequenciamento do genoma. O projeto Genoma Humano ocorreu através da pesquisa aprofundada do DNA e de seu sequenciamento, tornando visível e compreensível à interação entre os genes, as suas funções e também possíveis alterações presentes neles.

Através dos resultados alcançados por este projeto desencadearam-se novas pesquisas, não somente no cenário internacional, mas também no cenário brasileiro. A segunda geração deste projeto surge através do entendimento de que por meio do sequenciamento do genoma humano seria possível a visualização de mutações que poderiam contribuir para o surgimento de doenças como o câncer, por exemplo. Assim, nasce o Projeto Genoma Humano do Câncer.

O Projeto Genoma Humano do Câncer foi criado com o objetivo de catalogar todas as mutações no genoma humano relacionadas à doença, a fim de criar um biobanco com todas as informações necessárias sobre cada tipo de tumor, com o objetivo de elaborar medicamentos e proporcionar terapias exclusivas para cada tipo de mutação.

No Brasil, o Projeto Genoma Humano do Câncer também é oriundo da segunda geração do Projeto Genoma Humano no Brasil. A Organization for Nucleotide Sequencing and Analysis o lançou no país no ano de 1999 e tinha a princípio como objetivo produzir meio milhão de ESTs de tecido tumoral humano.

Este Projeto é uma parceria entre a Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo e o Ludwig Institute for Cancer Research que é o atual responsável pelas pesquisas. O Instituto decidiu iniciar as pesquisas a partir do sequenciamento dos tumores mais correntes no país, sendo eles: tumores de cabeça, pescoço, mama e estômago e também os mais raros: Tumores renais do tipo Wilm's, leiomiosarcoma, testículo, PNET (tumor neuroectodérmico

primitivo), tumores do sistema nervoso central (gliomas e meningiomas), tumores de colo e leucemias.

Para analisar os tecidos tumorais humanos a rede ONSA utilizou como metodologia o Open reading frame expressed sequence tags (ORESTES) que tinha como função identificar genes expressos na caracterização de ESTs. O sucesso e o espaço alcançado pela Genômica do Câncer são decorrentes dos avanços desses dois projetos: Projeto Genoma Humano e Projeto Genoma Humano do Câncer.

A Genômica é a ciência dedicada ao sequenciamento dos nucleotídeos, ao mapeamento e as análises dos genomas, os quais são compostos por todo DNA de um indivíduo. Esta ciência avança constantemente servindo de ponte para as pesquisas sobre o câncer e também sobre o seu desenvolvimento. Como a genômica está ligada ao sequenciamento dos genomas, logo os genes mutados e considerados potentes para o desenvolvimento da doença, podem ser visualizados e então, reparados por medicamentos produzidos especificamente para ele, assim como terapias. Consistindo assim na Genômica do Câncer.

Como qualquer outra área da ciência, a genômica do câncer possui uma produção científica corrente. Suas pesquisas são promovidas em meio formal (artigo científico) e também em meio informal (redes sociais de conhecimento), como colégios invisíveis e *geekies*. A última é caracterizada pela ausência de hierarquia, interesses em comum por parte dos atores e ausência de espaço geográfico. A fim de estudar a produção científica da genômica do câncer nas redes do conhecimento, surgem então os questionamentos que direcionaram este trabalho: Como está configurada a produção científica em genômica do câncer a partir de uma abordagem egocêntrica? E Quem são os principais atores e quais são as temáticas estudadas?

A abordagem egocêntrica é um método que tem por objetivo interpretar as interações dos atores em uma rede de conhecimento, onde as análises partem sempre de um nó central para o todo. Nesta perspectiva, elegeu-se um ator social no papel de pesquisador e, por conseguinte a sua rede de pesquisa para que o estudo fosse traçado a partir de sua produção científica. Este trabalho tem como objetivo geral mapear os atores de redes de pesquisas em genômica do câncer, a fim de mapear os atores e temáticas de produção científica na área, partindo de uma abordagem egocêntrica. Como objetivos específicos: (1) Investigar a produção científica da pesquisadora Anamaria A. Camargo; (2) Entender a configuração da produção de conhecimento na rede por meio de um estudo aprofundado sobre os atores que se relacionam com ela; (3) Especificar as áreas de conhecimento que foram mobilizadas a partir

dela e (4) Visualizar as formas de cooperações e também o período de maior produção de todos os envolvidos com relação à rede estudada. Seja através dos fluxos informacionais e/ou do contexto espaço-temporal entre os atores.

O foco principal desta pesquisa é salientar a importância da utilização de diferentes metodologias no âmbito biblioteconômico visando não só a análise das estruturas da produção científica, mas também a análise do fluxo informacional em uma rede de conhecimento tendo como cerne a informação, matéria-prima da Biblioteconomia. Quanto aos resultados, podem ser aplicados nos estudos sociais da ciência bem como na produção de indicadores para melhor tomada de decisão em investimentos em saúde.

Portanto, em decorrência aos objetivos traçados e propostos, a justificativa deste trabalho é o fomento de novas metodologias multidisciplinares na Biblioteconomia, a fim de promover a inserção do bibliotecário em outras esferas do conhecimento através da análise dos padrões de produção do conhecimento em genômica do câncer por meio da abordagem egocêntrica. Nesse sentido a biblioteconomia como prática contribui sistematicamente com os estudos de comunicação científica.

O nó central dessa pesquisa é reconhecido por seus inúmeros prêmios e também por suas publicações na área da genômica do câncer. Tanto no cenário nacional como no internacional. A escolha está concatenada a conceitos como autoridade científica e capital científico de Pierre Bourdieu (2004). Anamaria Aranha Camargo é o nó central da rede de conhecimento e irá ser exposta mais à frente. Ela foi escolhida a partir da indicação da orientadora deste trabalho. Em sua tese, Carvalho (2014) fez um vasto mapeamento de geneticistas a partir do método Start Scientist. Em seu trabalho o nó central de sua rede foi o pesquisador Sérgio Pena e dentre à tantos geneticistas que restaram, Anamaria foi a escolhida.

Como instrumento metodológico, optou-se por empregar a ARS (Análise de Redes Sociais) que visa à análise das interações dos componentes de uma determinada rede de pesquisa. A ARS estuda as estruturas sociais, as interações entre os atores (elos) e observa a estrutura da produção de conhecimento. Para extração de dados bibliométricos e geração de rede de produção científica da pesquisadora central deste trabalho, elegemos o CiteSpace, especialmente porque se trata de um *software* projetado para ilustrar redes e estruturar o processo do fluxo informacional em um determinado *cluster* (grupo de atores).

A estrutura deste trabalho está dividida da seguinte forma: A introdução traz um breve resumo de toda a pesquisa, apresenta o objetivo geral e os objetivos específicos delimitando os porquês deste estudo; a Justificativa apresenta as motivações que levaram a produção desta

pesquisa, desde o ponto de vista teórico-metodológico ao fomento de novas ferramentas na Biblioteconomia; A seção Genômica do Câncer traz a contextualização do tema e subdivide-se em: Genômica do câncer, Projeto Genoma Humano, Projeto Genoma Humano do Câncer, Projeto Genoma Humano do Câncer no Brasil e apresenta a pesquisadora escolhida para ser o nó central; O aporte teórico traz todo o referencial teórico utilizado para na pesquisa, abordando a comunicação científica na genética humana e também os seus principais conceitos; A seção Análises de Redes Sociais contextualiza a ARS e expõe de forma pragmática os seus tipos, personagens, peculiaridades, funções e fornece uma familiarização com a metodologia a ser apresentada na própria seção; A metodologia é dividida em quatro momentos: o alicerce na tese de Carvalho (2004), a coleta de dados da produção científica do nó focal na Web of Science, o desenho da rede no CiteSpace e análise da rede por meio da ARS. Todos os objetivos foram alcançados e estão dispostos nos Resultados. Desde a investigação da produção científica do nó central até a visualização das formas de cooperação. As considerações finais destacam que a genômica do câncer é uma ciência que se ancora no reparo do DNA, que se encontra em desenvolvimento e possui como foco a cura da doença. Aponta para a importância do uso da ARS como método na análise das estruturas da comunicação científica em redes, não importando a área do conhecimento e salienta a importância do uso do CiteSpace na Biblioteconomia.

2 JUSTIFICATIVA

A presente pesquisa aborda a utilização do método da ARS para a análise das estruturas da produção científica em uma determinada rede egocêntrica. Na rede de ego as interpretações e as análises partem do nó focal para os outros nós e a sua estrutura é o objeto deste estudo.

Os interesses pessoais que nortearam esta pesquisa se dividem em dois: o primeiro foi o contato anterior com a área das ciências biológicas em outra universidade. Mesmo não terminando o curso, muitos temas ainda despertam interesse de pesquisas e conhecimento. O segundo: o contato com a metodologia a partir de leituras e conversas com a orientadora deste trabalho.

Tratando cientificamente, a Biblioteconomia é uma ciência aplicada e com tal deve desenvolver metodologias e abordagens teórico-empíricas para analisar os processos, os fluxos, os sistemas e as estruturas do conhecimento científico e tecnológico, tendo em vista que a informação é o principal insumo do fazer biblioteconômico. Através de sua multidisciplinaridade, a Biblioteconomia pode estudar práticas e aplicar diferentes métodos para a representação da informação nos mais variados domínios do conhecimento.

Nesse sentido, este trabalho foi elaborado a partir do entendimento da importância do desenvolvimento de novas metodologias para Biblioteconomia, visando a atuação do bibliotecário em outras esferas do conhecimento. Para isso este trabalho se inspira na tese de Carvalho. Carvalho (2014, p, 117) propõe em sua tese uma abordagem relacional para os estudos de produção do conhecimento combinando abordagens qualitativas e quantitativas. A sua proposta metodológica sugere o emprego da metodologia de análise de redes sociais observando e analisando os processos da comunicação científica em redes de ego.

Nesta perspectiva, este trabalho foi elaborado com a intenção de contribuir para com a inserção de novas metodologias na Biblioteconomia, a fim incentivar novas formas de avaliação das estruturas de produção científica e nas mais variadas áreas. Além disso, também pretende incentivar o uso do software CiteSpace como instrumento de elaboração de redes visando o mapeamento dos domínios do conhecimento dos dados de entrada, a análise das interações dos atores (pesquisadores) e, portanto, a representação a partir de grafos cientimetricamente, uma vez que analisa de maneira quantitativa um determinado domínio através de fontes secundárias, como a *Web of Science*. Trabalho este desenvolvido também pelo bibliotecário.

3 GENÔMICA DO CÂNCER: uma ciência preditiva

Esta seção trata de apresentar os elementos que circuncidam a pesquisa, sobretudo históricos e conceituais em um primeiro momento relacionado à genômica do câncer. Devido a grande importância do diagnóstico precoce do câncer, pesquisas são feitas e métodos são construídos constantemente em busca da cura para pacientes ou possíveis pacientes.

A Genômica, de acordo com Instituto Oncoguia¹ é a ciência que consiste no sequenciamento completo do DNA e no estudo dos seus padrões de alterações, além do mapeamento de pequenas escalas genéticas para obtenção de informações de um determinado gene ou de um conjunto de genes.

Quanto ao câncer, segundo o Instituto Oncoguia² (2013), os cânceres são mudanças diretas no DNA, mais especificamente nas moléculas que controlam as funções das células. Essas mudanças transformam uma célula normal em anormal (cancerígena). Por meio das alterações no DNA é possível então, diagnosticar o câncer de forma precoce ou até mesmo manifestações futuras.

Dessa forma, Singer³ (2011) diz que a genômica do câncer consiste no sequenciamento do DNA com foco no sequenciamento do próprio DNA ou de tecidos cancerosos, a fim de identificar mutações cancerígenas antes da manifestação ou com a doença já manifestada, possibilitando novos e exclusivos tratamentos para cada tipo de tumor e também para cada paciente. Sendo então, considerada preditiva.

No dia nacional de combate ao câncer no ano de 2014, a Agência Internacional de Pesquisa sobre o Câncer da ONU mostrou que o câncer é atualmente a principal causa de morte em todo o mundo. Para ter um melhor panorama da situação, o número de novos casos da doença atingirá até 2025 a marca de 25 milhões.

Mediante a estas pesquisas e fatos, entende-se que é de extrema importância e urgência a disseminação de informações sobre os novos estudos nesta área, a fim de alertar a população brasileira que novos tipos de tratamento estão sendo elaborados e podem ser de fato a salvação. Entretanto, antes de um aprofundamento no estudo da genômica do câncer em si, é necessário conhecer as particularidades desta doença para um entendimento aprofundado da ciência genômica e do estudo da genômica do câncer.

¹Disponível em: <Disponível em: <http://www.oncoguia.org.br/conteudo/cancer/12/1/>> Acesso em: 09 fev. 2015.

²Disponível em: <Disponível em: <http://www.oncoguia.org.br/conteudo/cancer/12/1/>> Acesso em: 09 fev. 2015.

³Disponível em: <<https://www.technologyreview.es/biomedicina/37717/tr10-genomica-del-cancer/>> Acesso em: 09 fev. 2015.

3.1 CÂNCER E GENÔMICA

De acordo com o Instituto Oncoguia⁴, câncer “é o nome genérico para um grupo de mais de 200 doenças. Embora existam muitos tipos de câncer, todos começam devido o crescimento anormal e fora de controle das células [...]”. Para Strauberg, et. al. (2002) o câncer é uma doença fundamentalmente do genoma e surge de variadas alterações genômicas que podem estar em conjunto a mudanças de ambiente e hábitos ou não.

Entretanto, como surge o câncer?

De acordo com o Instituto Oncoguia⁵ (2015, s.p), o corpo humano é constituído por milhares de células e estas se reproduzem por meio da divisão celular (mitose e meiose). Este processo é fundamentado em três etapas: formação, crescimento e regeneração de tecidos. Por alguma razão, em grande maioria dos casos desconhecida, o processo de divisão celular sofre a carcinogênese que é a permanência da célula, ou seja, a imortalidade da mesma. A célula continua viva, quando deveria morrer e se multiplica desordenadamente. Nesta fase nasce o câncer. Devido à grande e rápida multiplicação, as células podem invadir outros órgãos e tecidos através da corrente sanguínea e do sistema linfático. Este processo chama-se metástase.

O Instituto Oncoguia⁶ (2015, s.p) informa em seu site que a carcinogênese acontece em resposta a danos sofridos no DNA. Por sua vez, o DNA é um composto orgânico que comporta todas as instruções genéticas de todas as células e é o material que compõe os genes e cada gene tem sua função. Particularmente na divisão celular há genes responsáveis pela sua promoção (oncogenes) e também pelo controle de crescimento de células levando-as a morte no tempo determinado (genes supressores de tumor). Como citado acima, o câncer ocorre por danos no DNA onde certamente ocorre a desativação de genes supressores de tumor ou a transformação do DNA em oncogenes.

De forma clara e objetiva, O Instituto Oncoguia⁷ (2015, s.p) conclui seu informativo em seu site exemplificando os tipos de câncer que podem se manifestar nos seres humanos, sendo divididos em cinco tipos: carcinoma, sarcoma, leucemia, linfomas e mielomas e cânceres do SNC. Além disso, afirma que o câncer é uma doença multifatorial e está ligada a inúmeros hábitos de um indivíduo, como alta exposição ao sol, ingestão de álcool, má alimentação, tabagismo ou hereditariedade.

⁴Disponível em: <<http://www.oncoguia.org.br/conteudo/cancer/12/1/>> Acesso em: 09 fev. 2015.

⁵Disponível em: <<http://www.oncoguia.org.br/conteudo/cancer/12/1/>> Acesso em: 09 fev. 2015.

⁶Disponível em: <<http://www.oncoguia.org.br/conteudo/cancer/12/1/>> Acesso em: 09 fev. 2015.

⁷Disponível em: <<http://www.oncoguia.org.br/conteudo/cancer/12/1/>> Acesso em: 09 fev. 2015.

A genômica nasceu na década de 1970, mais precisamente no ano de 1977. Considerado o pai da genômica, Frederick Sanger ganhou o prêmio Nobel por elaborar junto a sua equipe o primeiro sequenciamento de DNA. Entretanto, foram necessários 15 anos de trabalho e muita pesquisa para que esse projeto viesse ser realizado. Segundo Furlan, et. al. (2007), Sanger e seus colaboradores utilizaram como metodologia a determinação da ordem de nucleotídeos que formam o DNA. Eles se basearam no princípio da terminação controlada da replicação de didesoxinucleotídeos e de acordo com “Giants in Genomics”, através do método de sequenciação de Sanger, 500-800 bases puderam ser lidas⁸.

Devido à falta de suportes tecnológicos, essa ferramenta mesmo considerada inovadora para época, não foi capaz de sequenciar genomas complexos. De acordo com Furlan, Ferraz e Bortolossi (2007), seria impossível, por exemplo, sequenciar o genoma dos mamíferos que chegam a ter bilhões de pares de bases com esta técnica, pois ainda não havia a montagem do genoma realizada apenas a partir de programas de computador que analisam as sequências geradas e as ordena corretamente.

Ao fim da década de 80, após modificações necessárias no método de Sanger, o sequenciamento pôde ser feito de forma automatizada e enfim alcança seu auge. Furlan, Ferraz e Bortolossi (2007) definem a genômica da seguinte forma:

Genômica é área da ciência que se dedica ao sequenciamento dos nucleotídeos, mapeamento e análise de genomas, os quais são constituídos por todo o DNA existente nas células de um indivíduo, inclusive os seus genes estruturais, sequências regulatórias e regiões não codificantes. (FURLAN; FERRAZ; BOTOLOSSI, 2007, p. 332).

Aprofundando-se nas peculiaridades da genômica, vê-se a notável diferença entre ela e a medicina atual, quando poderiam ou até mesmo deveriam ser iguais. A medicina hoje segundo Pena⁹ está ligada à cura ou tratamento de doenças, o que lhe proporciona limitações. No caso da medicina atual o paciente já é altamente sintomático. Os pacientes que procuraram o auxílio do médico já no auge da enfermidade. A genômica age distintamente. De acordo com Pena¹⁰, a genômica “age de forma preventiva e personalizada. Seu objetivo é cuidar de pacientes ainda assintomáticos para evitar ou retardar o desenvolvimento de doenças”. (PENA, 2010, s.p). Assim percebe-se a grande característica da Genômica: ser preventiva e

⁸Disponível em: <<http://www.yourgenome.org/stories/giants-in-genomics-fred-sanger>> Acesso em 13 fev. 2015.

⁹Disponível em: <<http://cienciahoje.uol.com.br/colunas/deriva-genetica/medicina-genomica-a-ciencia-de-manter-a-saude>> Acesso em: 10 abr. 2015.

¹⁰Disponível em: <<http://cienciahoje.uol.com.br/colunas/deriva-genetica/medicina-genomica-a-ciencia-de-manter-a-saude>> Acesso em: 10 abr. 2015.

personalizada. Para cada indivíduo um mapeamento, uma forma de prevenção e possível forma de tratamento diferenciado.

De forma simplificada, a genômica é o sequenciamento de todo o DNA que possibilita a leitura das funções dos genes por meio do genoma (FURLAN; FERRAZ; BORTOLOSSI, 2007). Como função, a genômica deve “elucidar o genoma de um organismo e o papel dos genes que o compõem desde o ponto de vista estrutural e funcional” (PINTO, slide 4, 2008). É importante também frisar que a genômica se divide em dois tipos: Genômica Estrutural e Genômica Funcional. Segundo PINTO (2008), a **Genômica Estrutural** identifica, separa, localiza e caracteriza o conjunto de genes de um organismo (GENOMA), ou seja, visa à caracterização física do genoma. Já a **Genômica Funcional** descreve a função biológica dos genes a partir de suas interações para definir o fenótipo determinado. Much, et. al. (2005 *apud* FURLAN; FERRAZ e BARTOLOSSI, 2007) descrever a genômica funcional como:

[...] vertente da genômica cujo foco está voltado para a elucidação das funções que cada gene exerce no organismo e, ao mesmo tempo, como esses genes interagem entre si dentro das *redes* biológicas que controlam as características fenotípicas [...] Mutch et. al. (2005)*apud* FURLAN; FERRAZ; BORTOLOSSI (2007).

Para Corrêa (2002) a genômica é o estudo direto dos genes e de suas interações simultâneas. Possui como objeto doenças monogênicas, doenças poligênicas e multifatoriais.

A genômica estrutural trabalha basicamente com o sequenciamento do DNA acarretando o mapeamento de genes e anotações das sequências. Em contrapartida, segundo Furlan; Ferraz e Bortolossi (2007, p. 332), a genômica funcional está focada, em duas abordagens:

- Transcriptoma: análise do perfil global da expressão gênica;
- Proteoma: análise sistemática das proteínas;

Vale lembrar que a notoriedade e sucesso da genômica, inclusive o fato de ser considerada como ciência, deve-se ao Projeto Genoma Humano e as inúmeras tecnologias lançadas no mercado. Este grande e ousado avanço da biologia molecular e da genética elaborado na década de 80 trouxe um grande investimento tecnológico e industrial para as pesquisas na genômica. O que a possibilitou a grande visualização e importância de ser estudada.

De acordo com Strausberg, et. al. (2002) o grande e ainda atual desafio da genômica consiste em relacionar as variações das expressões gênicas com os tipos específicos de câncer. Entretanto, tem-se feito muito para a compreensão dos mecanismos da doença, além da leitura

de suas assinaturas moleculares em prol de uma melhor detecção, diagnóstico, intervenção e prevenção da doença.

A genômica do câncer de acordo com o CPOM¹¹ é a avaliação sistemática e simultânea da expressão dos genes (RNAm), microRNAs ou proteínas visando uma melhor interpretação das bases genéticas moleculares que reagem ao processo da carcinogênese.

Atualmente, o campo da genômica do câncer tem avançado de forma constante devido ao advento de novas tecnologias que fornecem a caracterização genética e epigenética detalhada dos cânceres humanos. Segundo Ow, et. al. (2013), a quantidade de novos dados disponíveis que descrevem a composição genética dos tumores está equiparada aos avanços na investigação do câncer, as descobertas de tratamentos e as terapias moleculares.

Pode-se dizer inclusive que a apreensão do que é o câncer anda lado a lado com os avanços na ciência da genômica. Após inúmeros estudos o câncer tornou-se conhecido como uma doença do genoma. A partir de então, as pesquisas não pararam e a todo instante surgem novas drogas e terapias elaboradas para os variados tipos de câncer já sequenciados e específicos para cada paciente.

Nos próximos tópicos serão abordados o Projeto Genoma Humano e o Projeto Genoma Humano do Câncer que contribuirão para que a genômica fosse considerada uma ciência.

3.2 PROJETO GENOMA HUMANO

Segundo o CEHG-CEL (2009), em 1990, foi lançado oficialmente o Projeto Genoma Humano nos EUA e, posteriormente outros países se agregaram a jornada: alguns países do continente europeu e o Japão. Este projeto tinha o término previsto para 15 anos, mas graças às seguidas e rápidas evoluções tecnológicas e a cooperação informacional o projeto alcançou os seus objetivos em 2003. Desse modo, “O Projeto Genoma Humano (PGH) é o mapeamento de todos os genes do ser humano, para descobrir quais são os causadores de certas doenças, como o câncer, por exemplo.¹²”.

Segundo o Centro de Pesquisa sobre Genoma Humano e Células-Tronco (2009, p. 1), os cientistas tinham como objetivo principal gerar uma sequência de DNA de boa qualidade

¹¹ Disponível em: <<http://www.hcancerbarretos.com.br/linhas-de-pesquisa-cpom?id=303:genomica-funcional-do-cancer&catid=179>> Acesso em 07 jun. 2015.

¹² INSTITUTO OBJETIVO. Disponível em: <<http://www.objetivo.br/noticias.asp?id=3692>> Acesso em: 24 maio 2015.

para os cerca de 3 bilhões de pares de bases e identificar todos os genes humanos, além dos demais objetivos que eram: Identificar todos os genes humanos, determinar a sequência dos cerca de 3,2 bilhões de pares de bases que compõem o genoma do *Homo sapiens*, armazenar essas informações em um banco de dados, desenvolver ferramentas de análise de dados, transferir a tecnologia relacionada ao Projeto para o setor privado, colocar em discussão os problemas éticos, legais e sociais que pudessem surgir com o Projeto.

Como resultado, o Centro de Pesquisa sobre o Genoma Humano e Células-Tronco (2009, p. 1) informa que os cientistas alcançaram as seguintes respostas, logo na primeira publicação de sequência:

- O genoma humano contém 3,2 bilhões de nucleotídeos e o tamanho médio dos genes é de 3.000 bases mesmo com variações. O maior deles é o gene da distrofina que possui 2.4 milhões de pares de bases;
- Também foi descoberto que a função de cerca de 50% dos genes não haviam sido descobertos e que a sequência de um genoma humano é 99,9% a mesma em todas as pessoas;
- Foi visto também que cerca de 2% do genoma codificam instruções para a síntese de proteínas e que as sequências repetidas que não codificam proteínas formam mais do que 50% do genoma humano. Não se tomou conhecimento de suas funções mesmo estes fazendo parte da estrutura dinâmica dos cromossomos. Entretanto, sabe-se que através dos anos essas repetições reformulam o genoma rearranjando-o, criando assim novos genes ou modificando os já existentes e em comparação aos genomas do *Arabidopsis thaliana* (11%), do verme *C. elegans* (7%) e do *Drosophila* (3%), o genoma humano é o que possui mais sequências repetidas como já citado mais acima e que mais do que 40% das proteínas humanas compartilham semelhanças com as proteínas de moscas e vermes;
- O CEHG-CEL (2009) afirma também que os cientistas também obtiveram como resultado que os genes estão concentrados por área, ao acaso, ao longo do genoma, com vastas sequências sem código para proteínas entre eles;
- Que O cromossomo 1 é o maior do genoma humano. Com este projeto foi levantado que este cromossomo tem 3.168 e o cromossomo Y, o menor 344 e que algumas sequências de genes muito específicas foram associadas a variadas doenças como cânceres, doenças musculares, surdez e cegueira;

- E por último, o CEHG-CEL (2009) relata que os cientistas conseguiram localizar no genoma humano milhares de locais onde há apenas a diferença de uma base. Essa informação pode ser revolucionária, no que diz respeito ao encontro de sequências de DNA associadas a doenças mais comuns como: diabetes, doenças cardiovasculares, artrite e câncer.

Graças ao Projeto Genoma Humano, a genômica tornou-se mais evidente. A partir do sequenciamento de DNA proposto pela genômica, o genoma é extraído e então se visualiza a interação entre os genes e também as suas funções. O PGH revolucionou a medicina e tornou mais clara e possível a descoberta de genes mutados (genes que sofreram alterações e já indiciam doenças, mesmo o paciente não apresentando sintoma algum). Graças aos genomas sequenciados, doenças podem ser visualizadas antes de sua manifestação possibilitando assim um tratamento mais eficaz, como também supor um possível risco em descendentes. Após essas descobertas a medicina tem alçado grandes voos.

No Brasil, segundo Kimura e Baía (2002, p. 336) o PGH no ano de 1007 através da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP). A mesmalançou ONSA (Organization for Nucleotide Sequencing and Analysis – The Virtual Genomics Institute). A ONSA utilizou como metodologia a criação de redes de cooperação, a fim de que houvesse o sequenciamento de DNA em larga escala. O suporte de bioinformática foi fornecido pela Unicamp. O primeiro projeto desenvolvido pela ONSA foi o sequenciamento completo da bactéria *Xyllela fastidiosa*.

3.2.1 GENOMA HUMANO DO CÂNCER

Como citado acima, por meio da obtenção do genoma e análises de genes é possível detectar a existência de genes que sofreram alguma mutação. Seja esta por pré-disposição genética e/ou por influência do meio ambiente através de exposição a alguma substância, uma doença grave pode ser vista antes mesmo de sua manifestação.

Pode-se afirmar com base nos autores supracitados que Genoma são todas informações hereditárias de um organismo resumidas em forma de código genético. Essas informações estão codificadas no DNA por meio dos genes e neles estão todas as informações necessárias para produção de proteínas que são os agentes efetivos do genoma. (DIAS NETO, 2001, p. 33; CEHG-CEL, 2009)

O Projeto Genoma Humano possibilitou o fomento de estudos de várias doenças e levantou a hipótese de que as seqüências do DNA também poderiam ser úteis para o estudo dos genomas do câncer. O que favoreceu a criação do Projeto Genoma Humano do Câncer.

Segundo Futreal, Stratton e Campbel (2009, p. 723), o ICGC (Consórcio Internacional do Genoma Humano do câncer) foi lançado com o objetivo de catalogar todas as mutações no genoma humano relacionadas à doença. A princípio, os pesquisadores tinham a missão de sequenciar o genoma de 25 mil pessoas portadoras de um dos 50 tipos de câncer considerados mais graves. Ao contrário do Projeto Genoma Humano, que sequenciava apenas um genoma de um indivíduo, o ICGC tinha como base de sua pesquisa sequenciar duas células de um mesmo paciente, sendo uma saudável e a outra cancerosa. Portanto, o sequenciamento de dois genomas. A importância desta mudança seria justamente a comparação entre os dois genomas e ver precisamente onde se encontrava e qual era o tipo da mutação.

Miklos (2005, p. 535) afirma que sequenciar os genomas do câncer mantém viva a promessa da cura. Em 2005 este projeto já tinha o apoio de inúmeros cientistas que o apontavam como a futura cura do câncer. Com grandiosa escala, o ICGC tinha por objetivo principal registrar todas as mutações somáticas de tumores primários, a fim de utilizar drogas sintéticas para curar a maioria dos cânceres. A mutação somática é um tipo de mutação que se adquire com o tempo e por várias vezes, diferentemente das mutações germinativas que são hereditárias. Conforme Futreal, Stratton e Campbell (2009), as mutações somáticas estão presentes nas células cancerosas como uma espécie de registro arqueológico cumulativo de todos os processos mutacionais que a célula experimentou ao longo do tempo. Este tipo de mutação se divide em dois subtipos: Driver e Passageiro.

A mutação Driver conforme Futreal, Stratton e Campbell (2009) é aquela que confere uma vantagem de crescimento sobre as células cancerosas. Além disso, este tipo de mutação pode possuir uma subclasse resistente à terapia contra a doença. Já a mutação Passageiro não confere vantagem de crescimento, portanto não contribui para o surgimento de um câncer, embora também sejam encontradas nos genomas do câncer.

Entretanto, de acordo com Miklos (2005), o projeto tinha um objetivo ainda deficiente. O ICGC possuía larga escala, custaria 12.000 milhões de dólares e tinha como foco registrar apenas as mutações somáticas de tumores primários. Os cientistas então faziam as suas apostas na suposição de que as drogas elaboradas com base nesses tumores seriam exatamente direcionadas para o gene alterado. Não que este feito não fosse importante, mas Miklos salienta que seriam altos os gastos para resolver apenas problemas de tumores

que poderiam ser tratados com cirurgia e radioterapia local, quando o cerne da questão deveria ser a metástase e o seu funcionamento.

Outro ponto importante que Miklos (2005, p. 536) cita e estaria relacionado as estratégias terapêuticas produzidas para combater o tumor primário, é que elas não seriam capazes de combater as células que deixaram este tumor por já estarem entrando em processos metastáticos. Processo este que ocasiona a morte do paciente e deveria ser o centro da pesquisa.

Miklos (2005, p. 535) é bem crítico quanto a este projeto e sugere um melhor investimento apontando para importância de estudar as células cancerígenas metastáticas que se tornam resistentes a drogas.

Em 2009, ou seja, quatro anos depois, não se vê nenhuma mudança no ICGC quando Futreal, Stratton e Campbell (2009) mostram que a meta central do projeto passou a ser: identificar genes com a mutação driver e tomando para si o desafio de diferenciar a mutação driver da mutação passageiro. Desta forma, nota-se ainda a falta de foco no processo da metástase, fase mais crítica do câncer. Criticado por Miklos (2005), os estudos deveriam partir das células que partem do tumor primário para iniciar a metástase e combatê-la a partir de drogas criadas especificamente para estes tipos de células, uma vez que podem vir a se tornar resistentes a tratamentos.

Comparando o posicionamento destes autores é perceptível que em 2009 já se contava com tecnologias mais superiores ao contrário do ano de 2005 e já prometiam uma nova era no sequenciamento de genomas do câncer. Com uma expectativa de 20.000 novos genomas a serem sequenciados, seria elaborado um catálogo completo de mutações somáticas dos principais cinquenta tipos de câncer. Este catálogo tem como objetivos trazer novos olhares sobre os padrões genéticos que sustentam o fenótipo da doença, o prognóstico, a resposta a drogas e a resistência ao tratamento quimioterápico. Elucidando assim, a principal característica da medicina genômica que é ser preditiva promovendo diagnósticos e métodos terapêuticos exclusivos.

3.2.2 GENOMA HUMANO DO CÂNCER NO BRASIL

Julgando ser mais que necessário avançar nos estudos e descobertas na área da genética, a rede ONSA lançou no Brasil, no ano de 1999, o projeto Genoma Humano do Câncer. Em um cenário bastante competitivo, de acordo com Kimura e Bahia (2002), a rede ONSA tinha inicialmente como objetivo produzir meio milhão de ESTs -

(Expressed sequence tags) de tecido tumoral humano. O Projeto Genoma Humano do Câncer no Brasil é uma parceria entre a Fapesp e o Ludwig Institute for Cancer Research onde cerca de 29 laboratórios do Estado de São Paulo trabalharam por dois anos no mapeamento genes.

O Projeto Genoma Humano do Câncer no Brasil é a segunda geração do Projeto Genoma Humano no Brasil. As pesquisas estão sob a responsabilidade do Instituto Ludwig de Pesquisas sobre o câncer em São Paulo. Segundo Neto (2001), este projeto tem como coordenador Andrew Simpson que administra as seguintes coordenações: de RNA, bibliotecas, bioinformática, além de cinco centros de sequenciamento. Ao redor destes centros há ainda os laboratórios de sequenciamento que totalizam cerca de 250 pessoas envolvidas com o projeto. No HCGP, o grupo decidiu começar pelos tumores mais correntes no Brasil que são: tumores de cabeça, pescoço, mama e estômago e também os mais raros: Tumores renais do tipo Wilm's, Leiomioma, testículo, PNET (tumor neuroectodérmico primitivo), tumores do sistema nervoso central (gliomas e meningiomas), tumores de colo de útero e leucemias (NETO, 2001, p. 34).

Para analisar os tecidos tumorais humanos a rede ONSA utilizou como metodologia o ORESTES (*open reading frame expressed sequence tags*) que tinha como função identificar genes expressos na caracterização de ESTs. Esta metodologia "privilegia a porção central dos genes, pelo uso de oligonucleotídeos (*primers*) arbitrários, não degenerados, em condições de baixa estrigência, em reações de PCR antecedidas de uma reação de transcrição reversa" (KIMURA E BAHÍA, 2002, p. 327).

Em uma entrevista concedida a Revista Ciência Hoje, Walter Gilbert afirma que o método ORESTES examina o produto dos genes. Este produto é identificado por meio do sequenciamento do cDNA (DNA complementar), obtido a partir do mRNA (RNA mensageiro). De acordo com Bettoni (2003), as moléculas de cDNA são extremamente úteis, uma vez que são sintetizadas a partir do mRNA. Este material é uma porção transcrita do genoma, portanto possuem informação dos genes. "As moléculas de cDNA podem ser, então, sequenciadas de duas formas: sequenciamento completo do inserto de clones de cDNA e sequenciamento parcial das extremidades desses clones gerando as ESTs." (BETTONI, 2003, p. 35)

O ORESTES segundo Neto (2011), obteve grande sucesso por não examinar somente as pontas, mas também o centro dos genes. O método ORESTES "permite a obtenção preferencial de regiões codificadoras do genoma humano, favorecendo uma normalização dos genes obtidos (genes raros são sequenciados preferencialmente)" (NETO, 2001, p. 34). O que também justifica o grande sucesso. Complementando esta linha de raciocínio, Kimura e Bahia

(2002) certificam que o sucesso obtido pelo método ORESTES se deu também pelo alto investimento financeiro em sequenciadores de última geração. Como visto, uma série de fatores corroboraram para o sucesso deste método.

A meta inicial de mapeamento de acordo com Kimura e Baía (2002 p. 327) era de meio milhão de ESTs. Os sequenciadores utilizados no Brasil foram os sequenciadores automáticos multi-capilares, Mega Bace 1000% (AmershamBioSciences) que tinha capacidade a cada três horas. Devido à eficiência dessas máquinas, a rede ONSA superou seu objetivo e produziu mais de um milhão de ESTs.

Segundo Kimura e Bahia (2002), todos os ESTs sequenciados foram avaliados pelo Centro de Bioinformática. Este setor tinha como missão verificar a qualidade técnica do sequenciamento. Baseado no Programa computacional phredPhrap da Universidade de Washington, o centro de Bioinformática também conferia possíveis ocorrências de contaminação dos reads de ESTs com sequências de vetores plasmidiais e de bactérias utilizadas no processo metodológico. Desta forma, somente as sequências devidamente dentro dos padrões qualidade foram armazenados no GenBank - National Center for Biotechnology Information nos Estados Unidos.

É importante frisar que essas sequências são catalogadas, classificadas e depositadas na biblioteca de genes para uma eficiente recuperação de informação. Isso só se tornou possível devido o uso da bioinformática que é "[...] um campo de conhecimento que surgiu a partir da aplicação da Ciência da Computação no armazenamento, análise e geração de dados biológicos" (CAMPOS, 2012, p. 3).

Segundo Campos (2012), a bioinformática surgiu em consequência da grande explosão informacional no campo da genômica devido às contínuas iniciativas e esforços da comunidade científica. Com uma gama gigantesca de informações biológicas foi necessário então, pensar na criação e, por consequência, na manutenção de uma base de dados para o armazenamento dessas informações.

Desta forma delimitam-se as funções da bioinformática que Conforme o CIB (2004) são: organizar, armazenar e analisar uma grande quantidade de dados biológicos. A bioinformática é uma ciência que une a biologia e a informática e sem ela jamais seria possível o mapeamento do genoma. Na próxima seção será abordado todo referencial teórico utilizado para o firmamento deste trabalho, sendo dividindo em dois momentos: No primeiro momento apresenta a comunicação científica na genética humana e no segundo os principais conceitos da comunicação científica em si e suas transformações ao longo do tempo.

4 APORTE TEÓRICO

Esta seção tem como foco tratar a comunicação científica na genética humana e também os seus principais conceitos no que diz respeito ao estudo das estruturas de produção científica.

4.1 COMUNICAÇÃO CIENTÍFICA E OS ESTUDOS DE PRODUÇÃO DE CONHECIMENTO NO CAMPO DA GENÉTICA

Os processos e características da comunicação científica tem se modificado nos últimos anos. Do modo tradicional (periódico científico sujeito à aprovação) até o modo cooperativo (redes), eles são construídos em prol da divulgação da ciência. Na área da Genética não é diferente. Como abordado mais acima, os estudos do sequenciamento dos genomas do câncer foram e ainda são feitos em rede de cooperação.

De acordo com Crespo e Caregnato (2006) a área das ciências biológicas, principalmente nos ramos da biologia molecular e da biotecnologia, áreas intimamente ligadas à genética, são caracterizadas como produtoras e consumidoras de conhecimento científico e tecnológico de ponta. Tratando especificamente da Genética, o principal veículo de disseminação de informação nessa área ainda é o periódico científico. Segundo Crespo e Caregnato (2006) esta é uma característica das ciências duras. Além disso, geralmente publicam em grande número de autores remetendo a estrutura de equipes e como as outras áreas do conhecimento, os seus periódicos estão disponíveis no meio eletrônico.

Segundo Carvalho (2014, p. 43) a produção, a difusão e a apropriação do conhecimento no âmbito da genética se modificaram. Em sua tese, Carvalho (2014, p. 43) explica que esta mudança ocorreu devido ampliação da ação universitária quanto à pesquisa e a sua união a agências e organizações de pesquisas e também de fomento de tecnologias. Este modelo é oriundo da abordagem da Tripla Hélice, aliança desenvolvida por Leydesdorff e Etzkowitz (1996, 1997, 1998, 2000) que se trata de uma metáfora empregada pela universidade, indústria e também pelo governo. No Brasil, o modelo tem sido desenvolvido pelo Triple HelixResearchGroupBrazil (THERG) vinculado ao Triple HelixAssociation (THA) com apoio da FAPERJ e do CNPq/MCTI.

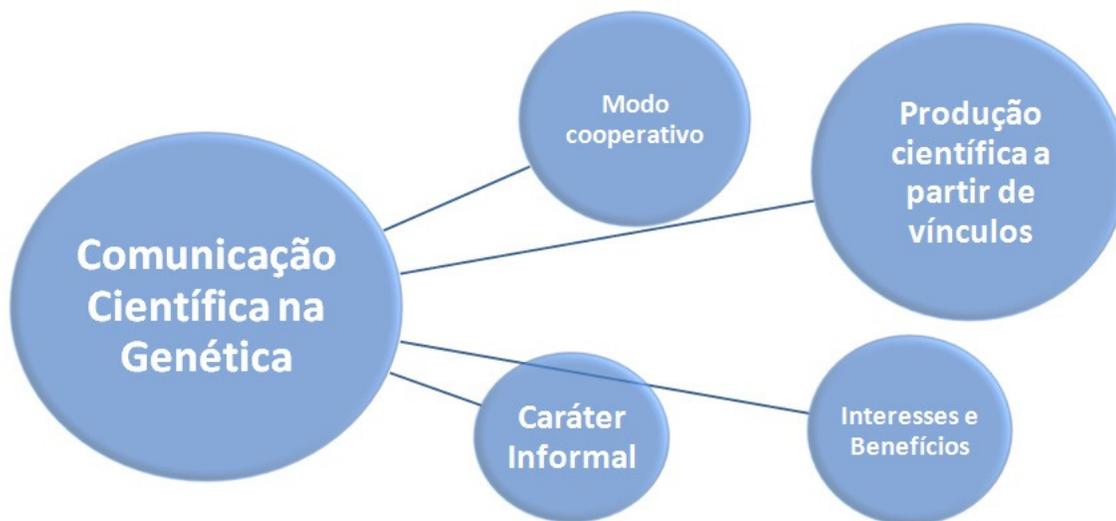
Carvalho (2014) afirma que através da Tripla Hélice o mundo está conhecendo um novo modelo de produção científica. Esse novo modelo denominado *modo 2*, em sequência ao modo, é um novo molde que incentivou aos pesquisadores suecos a reunir experiências de

outros países em busca de novas dinâmicas informacionais. O que diferencia estes dois modos de produção científica é a sua estrutura social e foi elaborado por Michael Gibbons, Camille Limoges, HelgaNowotny, Peter Scott e Martin Trow, e do brasileiro Simon Schwartzman, publicado no ano de 1994.

As diferenças entre os dois modos são bastante expressivas quanto a sua estrutura. Conforme Carvalho (2014), o modo 1 refere-se à comunicação científica tradicional, fixada à tradição dos processos de publicação e o *modo 2* interdisciplinar e cooperativo. O *modo 1* é fechado a participação da sociedade como um todo e o modo 2 a sociedade tem sua participação no uso e na aplicação das inovações científicas. Outra característica pontual do *modo 2* é o maior número de atores e, por conseguinte, um maior número de trabalhos colaborativos que produzem conhecimento.

Pode-se dizer que as redes de conhecimento são um exemplo da produção científica do *modo 2*, pois estão ligadas a colaboração entre os atores. Carvalho (2014, p. 45-46) pontua as características desse modelo, sendo elas: vínculos construídos através da tecnologia, flexibilidade, interdisciplinaridade, reflexivas, variados tipos de atores (autores, instituições, entre outros) e alto grau de comunicação. O campo da genética humana também se apropria desse novo formato de comunicação científica. Abaixo segue uma imagem explicativa de acordo com as características da genética humana de acordo com Carvalho (2014).

Figura 1: Características da Comunicação Científica na Genética



Fonte: elaboração da autora (2015)

Como visto na figura acima, o campo da genética humana também se fundamentaliza nesse novo formato de comunicação, o modo 2. Como características, a comunicação científica na genética humana tem adotado um caráter mais dinâmico através da cooperação informacional favorecendo o uso das redes de conhecimento. As produções científicas são produzidas de maneira flexível devido aos vínculos criados pela tecnologia, como a ausência geográfica, a interdisciplinaridade e a comunicação dinâmica. As relações entre os atores são construídas em prol dos interesses dos próprios atores e diretamente assumem um perfil informal de comunicação científica.

De acordo com Carvalho (2014), o campo da genética se constituiu através da empiria, do debate, e das áreas diversificadas. Carvalho (2014) ainda afirma que a genética é considerada uma ciência interdisciplinar, pois é marcada por uma pluralidade de bases conceituais como a própria Biologia, a física, a química e a antropologia. Por ser considerada interdisciplinar, a genética humana está sendo discutida e disseminada em redes por meio de elos oriundos de interesses de pesquisas, sempre pautando a colaboração não importando a área do conhecimento.

Assim, é justamente a partir dos interesses em comum dos pesquisadores, do processo informacional e também de suas características e funções que as redes sociais de conhecimento abarcam tantas áreas. Isto tem favorecido a criação de redes de pesquisa na genética, a promoção de conhecimento e, por fim a discussão e a disseminação das novidades científicas.

Além de tratar a comunicação científica no âmbito da genética humana, esta seção também aborda a importância da comunicação através de seus principais conceitos. É relevante enfatizar que este tema não é só de interesse da comunidade científica, mas também é de grande relevância para a sociedade. Para tanto é necessário antes entender o percurso da comunicação científica percorrendo pela sua história e confirmando a sua valiosa importância. Também é necessário entender a sua relação e contribuição com a ciência e evolução de pensamento da sociedade chegando até a disseminação das pesquisas na área da genômica. Assim, cabe fazer duas perguntas: Pode a ciência influenciar a sociedade? E Pode a sociedade influenciar a ciência? As respostas aparecerão no decorrer desta seção.

Cientistas ou menos instruídos, a sociedade é formada por pessoas de variados níveis de informação e a ciência é responsável pela evolução humana e pela modificação de identidade dos indivíduos de uma sociedade, segundo as verdades instituídas por ela de acordo com cada descoberta e época. Contudo, a relação entre ciência e sociedade não possui apenas uma via e sim duas. De acordo com Targino (2000), a relação existente entre a

sociedade e a ciência é dinâmica e interativa, uma vez que a ciência determina mudanças na sociedade e ao mesmo tempo a sociedade transfere à ciência impactos que a reorientam a buscar novos caminhos. Através desses novos caminhos a ciência responde a novas demandas e assume novas prioridades quebrando paradigmas.

Essa via de mão dupla é decorrente das características intrínsecas a ciência que são: a confiabilidade e o uso de uma metodologia científica. A confiabilidade "é [...] uma das características mais importantes da ciência, pois a distingue do conhecimento popular, não científico" (MUELLER, 2000, p. 21) e a metodologia científica é o conhecimento a partir dos resultados obtidos pelos métodos científicos empregados na pesquisa que são disseminados e submetidos aos pares para avaliação (MUELLER, 2000). Assim, o uso da metodologia científica confere a geração de conhecimento.

Segundo Mueller (2000), a larga disseminação dos resultados de uma pesquisa ao julgamento da comunidade científica e, por conseguinte sua aprovação viabiliza a confiança nos resultados. Para tanto, todo o trabalho intelectual dos pesquisadores necessitam de um sistema de comunicação entrelaçado, que compreende os canais formais e informais onde os cientistas comunicam os seus resultados chegando até pelo menos a uma publicação formal.

De acordo com Targino (2000), toda pesquisa envolve diferentes atividades de comunicação. Essa produção é caracterizada por diferentes tipos de atividades de comunicação entre os pesquisadores. De acordo com suas características podem ser divididas em comunicação formal ou informal e o conjunto dessas publicações chama-se literatura científica.

A comunicação formal se dá pelos canais formais de publicação e segundo Targino (2000), este canal de comunicação é constituído por livros, periódicos, obras de referência, relatórios técnicos, revisões de literatura, bibliografias de bibliografias, etc.. Além disso, tem como função "[...] persuadir e convencer a comunidade científica e a sociedade como um todo de que os resultados então divulgados devem ser aceitos como conhecimento válido e consolidado" (TARGINO, 2000, p. 19). Já a comunicação informal "[...] consiste na utilização de canais informais, em que a transferência da informação ocorre através de contatos interpessoais e de quaisquer recursos destituídos de formalismo [...]" (TARGINO, 2000, p. 20). Deste tipo de comunicação podem ser tiradas como exemplo as reuniões científicas, participação de associações profissionais e os colégios invisíveis que de acordo com Dias (201?) é constituído por profissionais atuantes em uma mesma área de pesquisa. Estão espalhados pelo mundo e possuem vínculos informais e raramente são percebidos por

quem está fora do grupo. Este grupo constrói seus elos a partir de congressos, conferências, correio eletrônico e viagens de estudos e também são denominados como rede de conhecimento. Sua característica principal é a transmissão oral e para uma melhor exemplificação, seguem abaixo as principais características dos dois tipos de canais de comunicação em forma de tabela.

Tabela 1: Canais Formais e Informais

DISTINÇÕES BÁSICAS ENTRE OS CANAIS FORMAIS E INFORMAIS DE COMUNICAÇÃO

CANAIS FORMAIS	CANAIS INFORMAIS
Público potencialmente grande	Público restrito
Informação armazenada e recuperável	Informação não armazenada e não recuperável
Informação relativamente antiga	Informação recente
Direção do fluxo selecionada pelo usuário	Direção do fluxo selecionada pelo produtor
Redundância moderada	Redundância, às vezes, significativa
Avaliação prévia	Sem avaliação prévia
Feedback irrisório para o autor	Feedback significativo para o autor

Fonte: TARGINO, M. (2000) adaptado de Meadows (1974, p. 93).

O conjunto destas atividades e características citadas acima caracteriza e constitui o sistema de comunicação científica de uma determinada ciência. Desde entre pares até a sociedade. "A comunicação científica pode ser definida como um veículo de transmissão do conhecimento científico" (MARTINELLI; TEIXEIRA, 2014, p.92) e, portanto indispensável para a atividade científica e para ciência. Alicerçando este raciocínio, Weitzel (2006) contribui afirmando que "a comunicação científica pode ser entendida como um processo que envolve a construção, a comunicação e o uso do conhecimento científico para promover sua evolução" (WEITZEL, 2006, p. 83 *apud* MARTINELLI; TEIXEIRA, 2014, p. 92). Portanto, a comunicação científica é a união de esforços individuais de pesquisadores que resulta a divulgação da ciência.

Intimamente conectada a informação e a comunicação, no que tange a disponibilização de informação entre pares, a comunicação científica para Targino (2000 *apud* MARTINELLI; TEIXEIRA, 2014) não pode ser delimitada como uma simples troca de informações, pois "integra elementos que vão desde a figura do pesquisador, do cientista e do acadêmico, ao fluxo de ideias, teorias, métodos, literatura científica e instrumentos que permitem a operacionalização das investigações" (TARGINO, 2003 *apud* MARTINELLI; TEIXEIRA, 2014).

A comunicação científica está associada à produção, a disseminação e ao uso da informação desde a gênese da pesquisa até a aceitação por parte dos pares Garvey (1979 *apud*

DIAS, 201?). O seu sistema segundo Mueller (2000) é estruturado a partir desta troca contínua e paralela de informações entre os pares. Esta troca de informações deve ser contínua e emitida para os seus sucessores, a fim de que haja sempre novas descobertas. Visivelmente complexo este sistema é formado pelos seguintes elementos: atores, processos e canais ligados uns com os outros.

Basicamente, segundo Mueller (2006), o sistema da comunicação tradicional obedece a um modelo de publicação impressa e aos seus preparativos para se colocar a julgamento. Segundo Castro (2006), o modelo tradicional de comunicação científica está voltado para o impresso e as etapas deste processo somam-se em cinco: redação, revisão, publicação, indexação e disseminação e seus resultados são publicados em meio impresso.

De acordo com Castro (2006), a primeira etapa da comunicação científica é constituída pela redação dos trabalhos que são a reflexão teórica das pesquisas realizadas. Após a redação, os trabalhos são submetidos a uma editora ou revista científica de sua área para publicação. Na próxima etapa, conhecida como revisão dos pares, outros membros da comunidade científica são os responsáveis por validar os trabalhos submetidos à publicação. Um processo demasiadamente lento é feito em modos tradicionais onde os manuscritos digitados em papel são enviados por correio. Esses trabalhos ainda podem retornar ao autor quantas vezes necessário for para que possa ser aprovado e também adequados a linguagem científica e aos padrões de publicação. Após a aprovação os trabalhos são publicados e finalmente disseminados para os usuários. Frisa-se que este processo pode levar meses ou até anos para chegar à fase de publicação.

Como características, a CC de acordo com Castro (2006) possui a linearidade, sequencialidade de processos, formalidade e coordenação de editores (processo para disseminação do conhecimento), além da legitimação e legitimidade. Para Mueller (2006) na comunicação científica a legitimação é a exigência de um consenso entre os pares e acontece quando a comunidade científica verifica e valida um determinado conhecimento científico. Já a legitimidade é a crença existente em autoridades e instituições que impulsiona os indivíduos a aceitarem suas decisões. As autoridades e instituições referidas aqui são os pares e as instituições de pesquisa fomentadoras de conhecimento.

Decorrente as suas características, Roosendaal e Geurts 1997 (*apud* ODDONE, MEIRELLES 2006) delimitam as seguintes funções para a comunicação científica: Registro (Propriedade Intelectual), arquivamento (preservação), circulação (acessibilidade) e avaliação (certificação de pesquisa) e em correspondência a estas quatro funções, temos respectivamente, as quatro forças da comunicação científica que atuam no mercado. São elas:

acessibilidade, aplicabilidade, atores e conteúdo. Roosendaal e Geurts 1997 (*apud* ODDONE, MEIRELLES 2006).

Considerando as relações entre as funções apresentadas e as forças do mercado, surge então o produto da comunicação científica: o periódico científico, que veio se tornar "o principal marco da consolidação da estrutura da comunicação científica, pois surgiu dessa necessidade genuína dos pesquisadores de trocar experiências" (WEITZEL, 2006 *apud* MARTINELLI; TEIXEIRA, 2014, p. 93).

É relevante lembrar que mesmo diante dos constantes avanços no ramo da tecnologia da informação é possível afirmar que as funções propostas por Roosendaal e Gertau em 1997 para a comunicação científica também se adaptam ao meio eletrônico de hoje, não havendo a anulação das funções, mas sim uma evolução.

Com a popularização da internet nas últimas décadas, ocorreram alterações no sistema do fluxo da comunicação científica e também na maneira de se fazer ciência. Antes linear, a comunicação científica perde sua linearidade, e por consequência sua sequencialidade, uma vez que todos os interessados nas pesquisas já participam desde a gênese do conhecimento até a aplicação dos resultados. Segundo Castro (2006), a linearidade e a sequencialidade são substituídas pela agilidade e pela interação entre pares, instituições de variados fins via internet, tornando o processo bem mais dinâmico. Além disso, o periódico científico antes vinculado somente em meio impresso ganha finalmente espaço no meio eletrônico.

Devido ao âmbito digital, este fluxo dinâmico funciona independentemente da distância, sendo acessível a vários atores de forma simultânea, permitindo "[...] a convergência entre autores, revisores e editores (produtores da informação), bibliotecas e centros de informação (intermediários) e usuários (leitores e pesquisadores) e estimula o compartilhamento de ideias e experiências" (CASTRO, 2006, p. 60).

Com a democratização da internet, o conhecimento científico antes licenciado apenas a pesquisadores é, portanto agora direito de todos. De acordo com Castro (2006), países em desenvolvimento foram e ainda serão os maiores beneficiados com as novas possibilidades de alcance à publicação científica eletrônica, pois nela são disseminadas as novas técnicas e metodologias utilizadas em outros países já desenvolvidos. O que viabiliza o acesso e a adoção dessas técnicas também nos países que estão se desenvolvendo.

Atualmente temos o Brasil como exemplo de país em desenvolvimento que se adequou aos novos tipos de pesquisa, e, por conseguinte, a uma evoluída estrutura de comunicação científica nas mais diversificadas áreas como na pesquisa do genoma do câncer

apresentado no capítulo anterior, onde há a cooperação de vários cientistas e instituições para pesquisas e depois para disseminação dos resultados em prol do avanço da ciência.

Mesmo submetidos as mais variadas inovações tecnológicas, os padrões da comunicação científica não perderam suas principais características, que de acordo com Mueller (2000) são: a qualidade de informação, a confiabilidade e a legitimidade. Segundo Dias (201?), a partir dos colégios invisíveis (redes de conhecimento), pesquisadores concentram seus esforços no compartilhamento informacional a fim de produzir conhecimento de qualidade. Através dos elos formados pelos atores surgem então as inovações que são posteriormente divulgadas no padrão formal de comunicação científica, como o periódico científico. Para Tomaél (2005) este diferente formato de comunicação científica não altera os padrões da comunicação científica, uma vez que através das redes de conhecimento informações são construídas, modificadas e ampliadas. Esta sem dúvida é uma das principais características da ciência contemporânea.

Assim, fecha-se esta seção com a apreensão que a comunicação científica não se conserva, muito menos retrocede. Ao contrário, evolui continuamente sua estrutura em prol da disseminação da informação priorizando o trabalho dinâmico. Propondo então, a pesquisa em redes, onde os atores epistêmicos de acordo com Carvalho (2014) expressam interesses e benefícios, além de normas de condutas em grupos e ligações entre diferentes instituições e pontos de vista bem diversificados influenciados por culturas, visão política e economia.

5 ANÁLISE DE REDES SOCIAIS

A informação está presente em todos os lugares desde os mais remotos tempos. Essencial para qualquer sociedade, a informação compõe as estruturas da educação, da saúde, dos direitos dos cidadãos e da promoção da ciência. Portanto influencia, desenvolve e transforma constantemente o pensamento dos indivíduos.

De acordo com Tomaél (2005), sua importância é indiscutível, principalmente quando se trata de redes sociais cujos predicados, aplicações e usos são conferidos pelo comportamento dos atores e de suas relações na transferência de informações.

Tomáel (2005) afirma que a rede é um ambiente categorizado pela cooperação de diferentes atores que interagem entre si, a fim de fortalecer o conjunto. Neste determinado conjunto os interesses são partilhados por todos os componentes e esta é uma característica crucial. É afirmável que em redes a individualidade não existe e as informações fluem naturalmente

calçadas no princípio da cooperação, condição sine qua non de sua existência. Por isso, as redes são consideradas sociais, pois são "[...] uma representação formal de atores e suas relações" (TOMAÉL, 2005, p. 94).

Marteleteo (2001) define redes sociais como um conjunto de participantes autônomos que unem suas ideias em torno de interesses em comum. Neste tipo de rede não há hierarquia e as relações informais são valorizadas. É um "sistema de nodos e elos; uma estrutura sem fronteiras; uma comunidade não geográfica; um sistema de apoio ou um sistema físico que se pareça com uma árvore" (MARTELETO, 2001, p. 72 *apud* TOMAÉL, 2005, p. 93).

Portanto, nas redes sociais as informações são passadas de forma dinâmica e constante. O seu compartilhamento promove a parceria e o crescimento de todos e sua estrutura é composta da seguinte forma: nós, conexões, posição e fluxos. Os nós são os indivíduos, as organizações ou as instituições. As conexões são as relações entre os nós. A posição é onde cada nó se encontra e os fluxos demonstram as ligações entre os nós. (DELGADO; SANTOS e CÔRTEZ, 2009)

Geralmente as redes sociais são analisadas mediante duas perspectivas. Tomaél (2005 *apud* MITCHELL, 1974) nos mostra as duas possibilidades e as explica da seguinte forma: Na primeira, o comportamento do autor é analisado tendo como foco o padrão de suas ligações, no que diz respeito ao modo de interação e de motivação nas relações. Na segunda, a análise tem como foco averiguar a maneira que o ator controla e manipula suas ligações para alcançar seus objetivos.

Tendo em vista a rápida evolução das TICs, o grande número de documentos disponibilizados na internet todos os dias e a já macerada forma de se comunicar cientificamente que chega a levar até um ano para um conhecimento ser publicado, houve grande incentivo para a migração dos pesquisadores de variadas áreas, inclusive da genômica para os novos formatos de comunicação. Através da internet regras antigas foram modificadas, novos horizontes foram e são explorados e surgem novas parcerias e técnicas de pesquisa. Desta forma alteram-se então, algumas facetas da comunicação científica, fazendo com que uma nova ciência, a ciência das redes, seja vista, analisada e utilizada.

Para Matheus e Silva (2006 *apud* CRUZ, 2014) a ARS (Análise de Redes Sociais) antevê métodos que permitem a análise das relações das mensagens trocadas entre os indivíduos, assim como a análise das relações diretas entre os atores de uma rede, o que permite o estudo detalhado dos usos e também dos usuários da informação, que é o centro desta pesquisa.

A ARS é um método que analisa as interações entre os componentes de uma determinada rede social e conforme Fidalgo¹³ (2013) estuda as estruturas sociais através da medição de laços dessas interações, sendo dividida em dois tipos: sociocêntricas e egocêntricas. A rede sociocêntrica "está focada nos aspectos estruturais da interação dos atores" (CARVALHO, 2014, p. 117), enquanto as redes egocêntricas "são apropriadas para obter uma configuração geral de uma estrutura a partir de um pequeno número de informantes" (BOTH, 1971, p. 67 *apud* CARVALHO, 2014, p. 117).

Carvalho (2014) a partir da visão de La Rua (2009) para explicar que embora os dois tipos de redes sejam construídas de formas diferentes, ambos os tipos compartilham orientações teóricas semelhantes quanto à interação dos atores e das oportunidades que as redes sociais conferem. Ao contrário das redes sociocêntricas, as redes egocêntricas focam somente no nó individual que também é chamado de ego e é o cerne desta análise. Para Carvalho (2014) ego é o indivíduo cujo capital social é medido em um relacionamento dentro da rede.

De acordo com Delgado, Santos e Côrtes (2009) as redes egocêntricas tem o seu ego como nó mais central da rede e, portanto as análises e os estudos partem dele. O ego pode ser representado pelo agente, organização ou instituição que exerce o domínio de maior grau nas relações, pois centralizam as interações, a comunicação, o controle e a coordenação dos alteres na rede.

Já os alteres são "[...] às pessoas que o ego está diretamente conectado" (CARVALHO, 2014, p. 118). Referindo-se assim aos os outros nós na rede que se encontram em volta do nó central.

Tomaél (2005) define ego a partir de Lee afirmando que este termo é representado pelo indivíduo central que junto aos seus companheiros (alteres) formam uma rede egocêntrica. Já o alter é quem complementa o ego em uma rede. Citando Granovetter, Tomaél (2005) conceitua alter como a fonte de informação do ego a partir da linha de raciocínio que, quanto mais bem relacionados forem os alteres, mais informado será o ego em uma determinada rede.

O Capital Social é a capacidade de mobilizar energia social na rede, é uma característica comum nos dois tipos de ARS e "representa os atores com mais laços sociais e com maior sucesso e menor rotatividade organizacional" (CARVALHO, 2014, p. 68).

¹³Disponível em: <<http://apemerg.blogspot.com.br/2013/01/reportagem-cientifica-analise-de-redes.html>> Acesso em 24 abr. 2015.

A centralidade de grau é uma ferramenta utilizada para identificação dos nós principais em uma rede. Com base em diversos trabalhos, Tomaél (2005) define a centralidade de grau como a "posição de um ator em relação às trocas e às comunicações na rede, considerando-se a quantidade de ligações que se colocam entre eles" (TOMAÉL, 2005, p. 154). Seguindo esta mesma linha de raciocínio, Carvalho (2014) define a centralidade de grau como a responsável por informar o quanto de energia social é mobilizada por um ator pelo caminho percorrido entre um nó e outro.

Conforme os atores supracitados, o foco da ARS são os atores e as suas relações partindo sempre da análise dos relacionamentos para depois estudar os atores independentemente de suas peculiaridades. (Tomaél, 2005; Marteleto, 2001; Cruz, 2014). Além disso, a ARS também visa entender as mudanças que costumam ocorrer entre os atores de uma rede. De acordo com Marteleto (2001), sua função é facilitar a observação e a análise do fluxo da informação por meio das interações na rede, a fim de entender como as alianças acontecem e também de mapear quais os relacionamentos que promovem conhecimento, permitindo a ampliação da cooperação e conforme Tomaél (2005), na Análise de Redes Sociais os grupos sobrevivem do empirismo. Suas divisões/grupos podem ser vistas a partir das relações entre os componentes e, portanto compõe as estruturas da rede.

Os principais grupos de uma rede são:

- Díade: interação entre dois atores;
- Cliques: determinado grupo de atores que possuem relações mais próximas entre si do que com outros atores que não fazem parte do grupo;
- Círculo social: grupo cujo ator está inserido;
- Cluster: Conjunto de relações similares.

Atualmente, a análise de redes é uma das mais promissoras correntes na pesquisa sociológica, pois interessa a pesquisadores das mais variadas esferas do conhecimento. A ARS proporcionou diversas metodologias de análise cujo foco é à relação entre indivíduos sob uma estrutura de rede. Em consequência as suas contribuições pode ser aplicada em diferentes situações e áreas (DELGADO; SANTOS; CÔRTEZ, 2009).

A escolha da ARS como metodologia para este trabalho foi feita a partir do embasamento nos seus conceitos, em suas características e também em sua multidisciplinaridade para análise de resultados em redes. Na próxima seção será apresentada a sua aplicabilidade como metodologia, a fim de interpretar as relações entre os nós visando estudar as estruturas da comunicação científica da rede elaborada.

6 METODOLOGIA

Nesta seção será apresentada a metodologia utilizada para a construção deste trabalho, assim como o processo de sua composição. A metodologia estrutura-se do seguinte modo: (1) alicerce na tese de Carvalho (2014), (2) utilização da *Web of Science* na busca da produção científica do nó central, (3) a criação da rede a partir do CiteSpace e (4) o emprego da ARS como instrumento de análise das estruturas científicas.

6.1 REDES SOCIAIS COMO MÉTODO DE ANÁLISE INFORMACIONAL NOS ESTUDOS DAS ESTRUTURAS DA COMUNICAÇÃO CIENTÍFICA

Para a construção deste trabalho foi utilizada a tese de Carvalho (2014) como alicerce. Carvalho (2014, p. 104) aborda de forma pioneira em sua tese o uso da metodologia de ARS do tipo "rede egocêntrica" na análise das estruturas de comunicação científica em redes, tendo como foco estudar os elos construídos em um determinado grupo de pesquisadores da área da Genética Humana.

Carvalho (2014) em sua tese indica critérios para a identificação de geneticistas com um bom desempenho, prestígio e status científico. É de suma importância salientar a relevância da tese de Carvalho, fixando-a como modelo no uso das redes egocêntricas para o estudo das estruturas da comunicação científica em uma rede. Para tanto, o presente trabalho emprega a mesma metodologia no campo científico da genômica do câncer, onde o nó central é representado pela professora e pesquisadora Anamaria Aranha Camargo.

Para Recuero¹⁴ (2013) a ARS é um método teórico-empírico que analisam dados focando a compreensão da estrutura de uma determinada rede e objetiva-se em investigar como ocorrem as inter-relações entre os dados do grupo que a constitui. Dessa forma, a ARS visa olhar os dados de um determinado grupo de nós e também suas conexões, a fim de analisar as relações, entendendo os tipos de perfis e o porquê das parcerias. A rede egocêntrica pode ser considerada como uma especificação da ARS e tem como objetivo entender as relações a partir um determinado nó, como já citado mais acima.

Assim, a metodologia deste trabalho segue o modelo proposto por Carvalho (2014) e se divide em algumas etapas, sendo dispostas a seguir nas subseções.

¹⁴Disponível em: <<http://www.raquelrecuero.com/arquivos/2013/07/usando-ars-para-midia-social-i.html>>
Acesso em: 13 maio 2015.

6.2 A ESCOLHA POR ANAMARIA ARANHA CAMARGO: nó central da rede

A primeira fase do processo metodológico deste trabalho foi o alicerce na tese de Carvalho (2014). Esta pesquisa foi elaborada com foco na abordagem egocêntrica na genômica do câncer e para tanto, foi necessário a escolha de um(a) pesquisador(a) que pudesse ocupar a função de nó central que é o cerne de uma rede de ego. Dessa forma, nesta seção será apresentada a professora e pesquisadora escolhida como nó central e também os procedimentos que foram tomados para sua escolha.

De acordo com Bourdieu (2004), todos os atores que participam de uma rede estão enquadrados em um determinado campo científico e este é um espaço autônomo de produção da ciência que mesmo possuindo autonomia presta contas à sociedade e aos campos jurídicos e econômicos. No campo científico, tudo que ocorre é decorrente das relações entre os agentes e é determinado pela distribuição do capital científico. A partir dessa visão, entende-se que o que norteia os pontos de vista, os locais de publicação, as temáticas escolhidas e objetos de interesse é a estrutura das relações entre os atores. Tratando diretamente, é a posição que cada ator ocupa que irá orientar as tomadas de decisão (BOURDIEU, 2004, p. 34).

É importante frisar que a posição dos atores em uma rede é influenciada pelo capital científico de cada um (Carvalho, 2014, p. 114) e nesse sentido, para Bourdieu (2004, p. 35), o capital científico em um campo confere a posição de um agente em específico e está fundamentado sobre os atos de conhecimento e reconhecimento, créditos, prêmios, atos de divulgação científica e indicação/reconhecimento por parte dos pares do mesmo campo e caracterizado pelo volume de seu capital. Assim, quanto maior for o capital científico de um agente, maior será o seu status. É considerada uma autoridade científica e também responsável pelo desenho da estrutura do campo científico em proporção a seu peso e nunca dos outros.

Anamaria Aranha Camargo foi escolhida a partir da indicação da orientadora deste trabalho. Em sua tese, Carvalho (2014) fez um vasto levantamento de geneticistas na Plataforma Lattes a partir das diretrizes do método *Start Scientist* que oferece critérios para identificação de geneticistas com bom desempenho, prestígio e reputação científica. Em seu trabalho foi escolhido como nó central o pesquisador Sérgio Pena. Dentre tantos outros geneticistas mapeados, Anamaria foi então eleita como nó central por também possuir um capital científico relevante na área da genética humana.

A professora e pesquisadora Anamaria concluiu o pós-doutorado no ano de 1999 no Instituto Ludwig com Grande área: Ciências Biológicas / Área: Genética / Subárea: Genética Humana e Médica. É diretora associada do Instituto Ludwig de pesquisa sobre o câncer e também coordenadora do Centro de Oncologia Molecular do Hospital Sírio Libanês e para justificar a sua escolha e aponta-la como autoridade científica na Genética Humana, seguem os seus prêmios segundo o site Escavador: Em 2000: Prêmio Claudia - Mulheres do Ano 2000 e Mérito Científico e Tecnológico do Estado do São Paulo pelo Governo do Estado de São Paulo; No ano de 2002 tornou-se membro, Associação Brasileira de Bioinformática e Biologia Computacional - AB3C; Em 2004 o Prêmio Moinho Santista Juventude - Genética, Fundação Bunge e também o prêmio Membro, Sociedade Brasileira de Bioquímica e Biologia Molecular-SBBq; Em 2007 os prêmios: Jovem Cientista, Third World Academy of Science TWAS, Membro, Third World Academy of Science TWAS e Membro da Diretoria Acadêmica, Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo - FAPESP; em 2008 Membro Titular, Academia de Ciências do Estado de São Paulo e por último em 2009 Membro, Sociedade Brasileira de Genética - SBG.

Mediante a apresentação do resumo do currículo Lattes de Anamaria, entende-se que a pesquisadora atende a todas as características necessárias para representar uma autoridade científica em uma rede de conhecimento, tendo como características: atos de conhecimento e reconhecimento, créditos, prêmios, ampla divulgação científica, reconhecimento dos pares Bourdieu (2004). Portanto, Anamaria na rede elaborada para este trabalho é o nó central e autoridade científica diante dos prêmios conquistados e nota-se que a pesquisadora possui um capital científico relevante na área das ciências biológicas.

Após a escolha do nó central, partiu-se então para a plataforma *lattes*, a fim de verificar a forma em que ela recomenda ser citada e viu-se a preferência por Camargo Anamaria A. A Plataforma *Lattes* representa a experiência do CNPq na integração de bases de dados de Currículos, de Grupos de pesquisa e de Instituições em um único Sistema de Informações. Esta plataforma não se resume apenas as ações gerenciais do CNPq, mas também de outras agências que fomentam o apoio à pesquisa como, por exemplo: instituições estaduais e federais, fundações estaduais de apoio à ciência e tecnologia e institutos de pesquisa¹⁵. Já o currículo *lattes* comporta todas as informações sobre a produção científica dos pesquisadores e "se tornou um padrão nacional no registro da vida pregressa e

¹⁵ Disponível em: <<http://lattes.cnpq.br/>> Acesso em 06 jun. 2015

atual dos estudantes e pesquisadores do país, e é hoje adotado pela maioria das instituições de fomento, universidades e institutos de pesquisa do País" (PLATAFORMA LATTES, 2015).

Logo em seguida, foi feita uma pesquisa na *Web of Science* para gerar e, por conseguinte, recuperar os dados de sua produção científica junto a outros autores. Para a obtenção desses dados foi necessário escolher a base da *Web of Science* e a opção autor, clicar na opção salvar em outros formatos optando pelo txt. e, por fim clicar em salvar. Esta coleta foi realizada no dia 11 de maio de 2015 e recolheu 29 resultados (artigos) referentes ao espaço de tempo entre 1996 e 2015. Com os dados salvos, a metodologia parte para o segundo momento onde é utilizado o CiteSpace como ferramenta para a ARS.

6.3 INSTRUMENTO METODOLÓGICO DE VISUALIZAÇÃO DE REDES: o CiteSpace

O CiteSpace é uma aplicação Java que se encontra disponível na internet de forma gratuita. Esta ferramenta visualiza e analisa as tendências e os padrões da produção científica de uma determinada rede em uma determinada área do conhecimento. "O Citespace é um software cienciométrico desenvolvido para gerar e analisar redes de referências de co-citação, baseado nos registros bibliográficos recuperados na *Web of Science*" (Chen 2006 *apud* Kim; Chen, 2015). Entretanto, o CiteSpace não realiza somente análises de co-citação, mas também a de co-autoria, modo utilizado neste trabalho. Esses estudos estão entre os métodos mais utilizados em estudos quantitativos da ciência (CHEN, 2014).

Para Chen, Ibekwe-San-Juan e Hou (2011) o citespace é uma ferramenta de análise de co-citação para interpretar a dinamicidade dos clusters de co-citação. Ou seja, auxilia a visualização da integração da rede. Segundo Chen (2014), este software foi projetado com objetivo de responder perguntas sobre um determinado domínio do conhecimento que cobre de maneira ampla um campo científico, normalmente representado por um conjunto de registros bibliográficos de publicações importantes.

Segundo Chen (2014) esta ferramenta foi projetada com o objetivo principal de obter insights da rede a partir de perguntas sobre um domínio, a fim de interpretar cognitivamente os dados, sendo considerada uma ferramenta também qualitativa e, portanto desafiadora, uma vez que necessita da interpretação dos dados a partir da cognição de um pesquisador que obtém suas conclusões de seu conhecimento prévio e também de suas experiências na área.

Sua função principal de acordo com Chen (2014) é elaborar um conjunto de dados adequados a responder perguntas sobre a dinâmica de uma rede de um determinado domínio

do conhecimento, a partir da análise da produção científica deste domínio. Essas perguntas são triviais para este estudo, pois norteiam a pesquisa. Segundo Chen (2014) são:

- Quais são as principais áreas da pesquisa com base no conjunto de dados de entrada (dados retirados da base de dados da *Web of Science* ou *Pubmed*)?
- Como essas áreas estão ligadas, ou seja, através de que artigos científicos?
- Onde estão as áreas mais ativas?
- O que é importante sobre cada área?
- Que/Onde estão os papéis-chave para uma determinada área?
- Existem transições críticas na história do desenvolvimento do campo? Onde estão os pontos de viragem?

O CiteSpace se fundamenta na visualização e na análise de redes. Por meio da rede montada pelo software é possível explorar o ambiente intelectual de um domínio e identificar quais perguntas os pesquisadores (atores) estão tentando responder, além de descobrir quais métodos desenvolvem, aprimoram e utilizam para alcançar os objetivos (CHEN, 2014).

A fonte primária do CiteSpace é a Web of Science ou a PubMed onde o conjunto de dados deve incluir a referência citada, a fim de potencializar o CiteSpace. Além disso, segundo Chen¹⁶ (2004), o CiteSpace possui variadas funções que facilitam a compreensão e a interpretação dos padrões de rede e também padrões históricos. Identifica as áreas cujo crescimento foi mais rápido, encontra hotspots de citação na terra de publicações, entre outros.

Segundo Chen¹⁷ o CiteSpace suporta análises estruturais e também temporais de uma variedade de redes de derivados de publicações científicas, incluindo redes de colaboração, redes de co-autor de citação e redes documento de co-citação. Além da *Web of Science*, o CiteSpace também possui compatibilidade com os dados da PubMed, arXiv, ADS e NSF Preprint Abstracts.

6.4 A CONSTRUÇÃO DOS DADOS NO CITESPACE

Esta seção tem como foco demonstrar a construção dos dados da rede de produção científica de Anamaria Aranha Camargo, a partir dos dados obtidos na base de dados da *Web of Science*. Para criar a rede de ego e dar continuidade a construção dos dados foi

¹⁶ Disponível em: <<http://cluster.ischool.drexel.edu/~cchen/citespace>> Acesso em: 13 maio 2015.

¹⁷ Disponível em: <<http://cluster.ischool.drexel.edu/~cchen/citespace>> Acesso em: 13 maio 2015.

necessário fazer o *download* da ferramenta CiteSpace mais o *software* Java 7, sem o qual o CiteSpace não funcionaria. Com o CiteSpace e o Java 7 devidamente instalados no computador, inseriu-se então, o arquivo da produção científica de Anamaria em formato txt. exportado diretamente da base de dados da Web of Science.

A segunda fase do procedimento metodológico foi realizada totalmente no CiteSpace e atribuiu duas pequenas regras logo no início: A primeira estava relacionada a criação de uma pasta contendo mais duas com os respectivos nomes: projeto e dados. Já a segunda regra estava relacionada à como nomear o arquivo exportado da Web of Science que seria colocado na pasta "dados". Independente do nome atribuído para aquele arquivo era necessário que antes do nome estivesse a seguinte expressão "download_".

Posteriormente aos dois simples procedimentos, os dados foram exportados para o CiteSpace obedecendo a ordem apresentada pelo próprio software. Na primeira janela aparecem três caixas, onde conferimos um nome para o projeto, na segunda onde inserimos o projeto e a terceira onde inserimos o dado e salvamos. A seguir, aparece uma outra janela onde há duas opções de base de dados: Web of Science e PubMed. Neste trabalho optou-se pela Web of Science. À direita delimita-se o espaço de tempo dentro do pesquisado, assinala as opções Author, Consine e Cluster ViewStatic para por último clicar em GO e finalmente clicar em visualizar criando então, a rede de cluster (Conjunto de relações similares).

Por último, após a rede criada, a metodologia da ARS foi empregada para a análise das estruturas da produção de conhecimento, visando responder todos os objetivos traçados a partir da interpretação das conexões entre os nós.

7 OS RESULTADOS E A SUA DISCUSSÃO

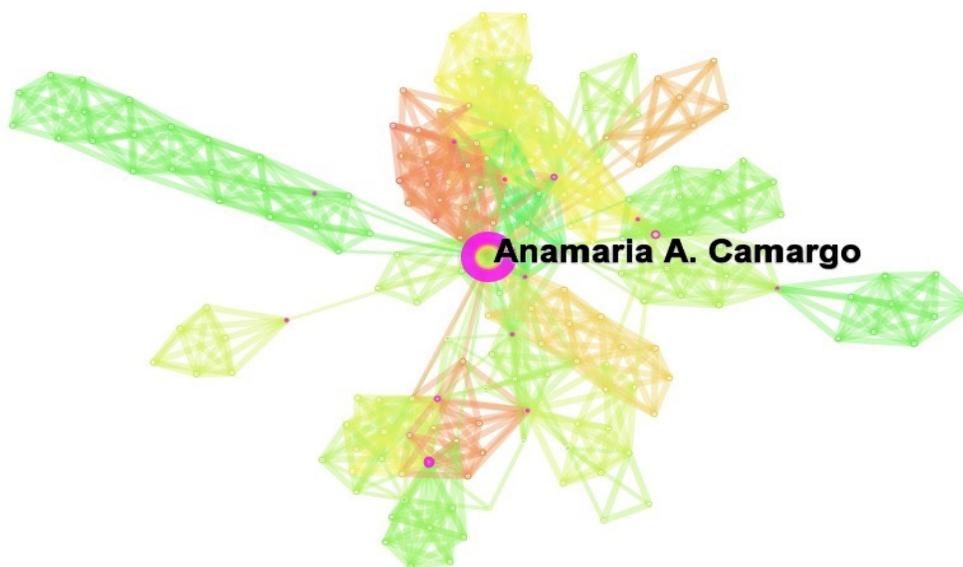
Nesta seção serão apresentados os resultados obtidos através do emprego da ARS egocêntrica como metodologia de análise e interpretação de relações da rede, assim como a sua discussão.

Com o arquivo da produção científica de Anamaria recuperado na base de dados da Web of Science e inserido no CiteSpace, foram mapeados 191 atores (pesquisadores) que trabalharam cientificamente com ela. São atores de diferentes nacionalidades e atuam em diferentes instituições. Alguns são médicos, professores e outros somente pesquisadores, mas todos com nível de especialização de doutorado e alguns com pós-doutorado. Estes atores (nós) ficam expostos e organizados sempre à esquerda da rede de acordo com o número de

frequência, centralidade de grau, ano de produção e referências citadas em ordem decrescente. Esses dados também são calculados e organizados pelo CiteSpace.

O primeiro objetivo específico desta pesquisa foi investigar a produção científica da professora/pesquisadora Anamaria Aranha Camargo, sendo alcançado com sucesso. Esta investigação foi realizada já nas buscas da produção científica de Anamaria na *Web of Science*. Todos os pesquisadores que produziram artigos científicos com ela automaticamente adentraram na rede e abaixo segue o primeiro grafo que mostra a produção científica do nó central junto aos 191 atores. Este é o grafo mais geral.

Figura 2: Rede de co-autoria da pesquisadora Anamaria Aranha Camargo



Fonte: dados da análise da Base de Dados da Web of Science ilustrado pelo CiteSpace

Nesta imagem é possível visualizar a medição de produtividade de Anamaria A. Camargo, autoridade científica e nó central da rede junto aos outros autores. As cores dispostas no grafo representam os anos das respectivas produções (artigos). Os tons de verde representam os anos de 2003 a 2010. O tom amarelo representa o ano de 2011. Os tons de laranja representam os anos de 2012, 2013 e os tons de vermelho representam os anos de 2014 e 2015. Cada ponto no desenho representa um nó (ator) e encontram-se amarrados ao nó central. Os círculos rosa que alternam de tamanho correspondem à centralidade de grau dos atores. Portanto, quanto maior o círculo rosa, maior centralidade de grau. E, por último, cada reta que centre os nós representam os caminhos percorridos para compartilhar informação.

O segundo objetivo específico era entender a configuração da produção de conhecimento da rede de pesquisa da professora Anamaria Aranha Camargo por meio de um estudo aprofundado sobre os atores e as instituições que se relacionam com ela. Este objetivo foi alcançado a partir de uma busca detalhada sobre os principais alteres de sua rede. A configuração da rede de Anamaria é considerada complexa devido a sua representação, pois são vários pontos interligados em destaque, subgrupos dentro da rede, esferas de centralidade de grau, entre outros detalhes. Assim, para entender a rede de maneira aprofundada foi necessário um estudo detalhado sobre dos alteres mais frequentes em produção. Dessa forma, dos 29 trabalhos científicos recuperados pela Web of Science, decidiu-se investigar os perfis dos alteres que possuem três ou mais de frequência de co-autoria na rede, elaborando-se assim um ranking de alteres. Alter é todo nó conectado ao nó central de forma direta e que complementam o ego (nó central) de maneira informacional.

Para uma melhor exemplificação, segue abaixo em tabela o nome, o perfil profissional, a nacionalidade, a frequência de co-autoria e a linha de pesquisa dos atores da rede em ordem decrescente. Todas as informações foram retiradas dos currículos Lattes dos pesquisadores entre 31 de maio à 01 de junho de 2015, com exceção dos alteres internacionais.

Tabela 2: Perfil dos atores da rede Anamaria Aranha Camargo

Ator	Perfil Profissional	Nacionalidade	Freq.	Linha de Pesquisa
Raphael B. Parmigiani	Pesquisador na filial do Instituto Ludwig de Pesquisa sobre o câncer e Pesquisador no Centro de Oncologia Molecular do Instituto Sírio-Libanês de Ensino e Pesquisa	Brasileiro	8	miRNAs, genômica funcional e aplicada, epigenética, marcadores tumorais e sequenciamento em larga escala em suas diferentes aplicações
Pedro A. Galante	Pesquisador Sênior no Instituto Sírio-Libanês de Ensino e Pesquisa no Hospital Sírio-Libanês em São Paulo.	Brasileiro	6	Bioinformática e Biologia Molecular
Sandro J. De Souza	Professor Titular do Instituto do cérebro da UFRN.	Brasileiro	6	Genômica, Transcriptoma e Evolução Molecular
Fabricio F. Costa	Consultor Obstetra do Departamento de Medicina Perinatal e Pauline Gandel, do	Brasileiro, entretanto reside e	6	predição e prevenção da pré-eclâmpsia, MRI

	Centro de Imagem, do Hospital Royal Women, e Melbourne-Austrália e Professor Sênior do Departamento de Obstetrícia e Ginecologia da Universidade de Melbourne, Austrália. Tem experiência na área de Medicina, com ênfase em Saúde Materno-Infantil.	trabalha na Austrália		fetal, medicina fetal, ultra-sonografia, Doppler e epidemiologia das malformações fetais.
Andrew J. G. Simpson	Consultor do Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo, Orientador da Hospital Ac Camargo e Pesquisador do Instituto Ludwig de Pesquisa sobre o Câncer.	Não informado	6	Genética
Otavia L. Caballero	Associate investigator - Ludwig Institute for Cancer Research.	Brasileira, entretanto reside e trabalha nos EUA.	6	Marcador molecular, câncer de mama e Alvos terapêuticos para imunoterapia do câncer
Giseli Klassen	Professora efetiva na Universidade Federal do Paraná, pesquisadora e orientadora em pós-graduação com a linha de pesquisa denominada Epigenética e Câncer e Líder do grupo de estudos em Epigenômica-CNPq.	Brasileira	6	Área de estudo de mecanismos epigenéticos que atuam na regulação da expressão de genes envolvidos no câncer de mama
Fernando A. Soares	Professor titular de Patologia Geral da FOUSP e Diretor do Departamento de Anatomia Patológica do Hospital do Câncer A. C. Camargo, Fundação Antônio Prudente, além de Presidente da Comissão de Pós-Graduação da mesma Instituição.	Brasileiro	5	Determinação de biomarcadores na patogênese, diagnóstico, resposta terapêutica e prognóstico das neoplasias malignas
Edneia A. S. Ramos	Servidora pública da UFPR	Brasileira	4	Projetos de sistemas de conjugação in vivo em bactérias fixadoras de nitrogênio no Grupo de Fixação de Nitrogênio do Departamento de

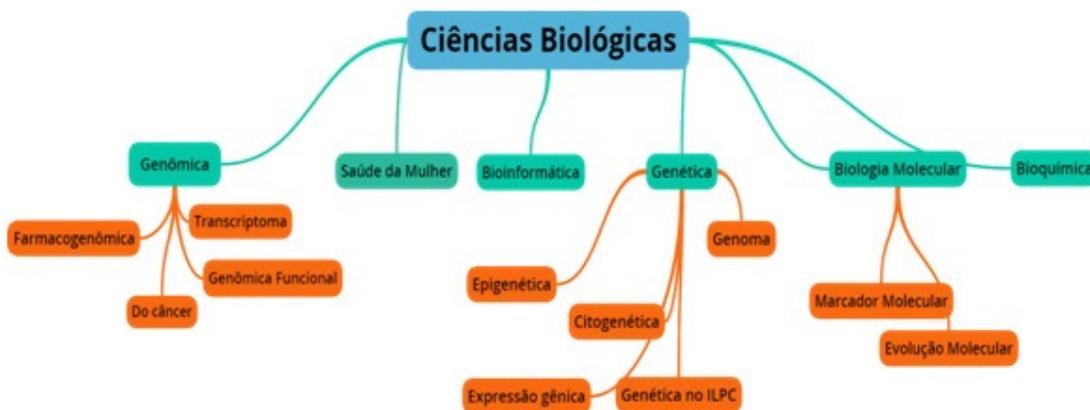
				Bioquímica e Biologia Molecular da UFPR.
Erico T. Costa	Pesquisador Assistente do Instituto Ludwig de Pesquisa sobre o Câncer (ILPC)	Brasileiro	4	Biologia Molecular e Genética no ILPC.
Fabiana Bettoni	Centro de Oncologia Molecular do Hospital Sírio-Libanês com sequenciamento de nova geração	Brasileira	4	Genética Molecular e Bioinformática
Isabela W. Cunha	Médica patologista da Fundação Antônio Prudente. Responsável pelo departamento de Patologia molecular aplicada ao diagnóstico oncológico.	Brasileira	3	sarcomas, uropatologia, classificadores moleculares das neoplasias e FISH
Silvio M. Zanata	Professor Associado de Imunologia do Departamento de Patologia Básica da Universidade Federal do Paraná	Brasileiro	3	Mecanismos de navegação axonal durante o desenvolvimento do sistema nervoso, O estudo contextualizado das proteínas prion celular, ADAM23, semaforina 5B, STI1, QSOX e USP2 e a produção de bioferramentas, como anticorpos monoclonais e proteínas recombinantes bioativas.
Robert L. Strausberg	Diretor Executivo de Ciências Colaborativas	Não informado	3	Investigação do genoma humano interdisciplinar
Cibele Masotti	Estágio de pós-doutorado na Universidade de Genebra, Suíça, no grupo do Prof. Dr. EmmanouilDermitzakis, cujos temas de pesquisa abordam a variação da expressão gênica e dos fenótipos celulares em escala genômica, com foco em suscetibilidade a doenças complexas.	Brasileira	3	Regulação da expressão gênica, identificação de genes associados a doenças mendelianas e complexas.
Daniela F. Lerardi	Universidade Federal de São Paulo, Departamento de Microbiologia Imunobiologia	Brasileira	3	Áreas de genética de tumores, expressão gênica,

	e Parasitologia.			epigenética, proteômica, tratamentos hormonais, culturas celulares e medicina translacional.
Iglenir J. Cavalli	Pesquisadora (bolsista de pq) do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico e professor sênior da Universidade Federal do Paraná.	Brasileira	3	citogenética clássica e molecular de tumores mamários e de doenças hematológicas.
Fábio C. P. Navarro	Não informado pelo pesquisador	Brasileiro	3	Bioinformática, Genômica, Biologia molecular e Câncer.
Ana Tereza R. Vasconcelos	Pesquisadora do Laboratório Nacional de Computação Científica, Professora credenciada no Dpto de Genética da Universidade Federal do Rio de Janeiro e Cientista do Estado do Rio de Janeiro e coordenadora da Unidade de Genômica Computacional Darcy Fontoura de Almeida e também coordenadora do recém-criado Laboratório Internacional Associado (CNRS) na área de Bioinformática.	Brasileira	3	Genômica, Desenvolvimento de métodos matemáticos e ferramentas computacionais aplicados a genômica e anotação de genomas.

Fonte: CiteSpace e Currículo Lattes (2015)

Decorrente ao detalhamento dos perfis dos atores mais frequentes na rede foi possível o rastreamento das áreas do conhecimento mobilizadas na rede a partir de Anamaria que é o terceiro objetivo desta pesquisa. Assim, a fim de ilustrar estas áreas, elaborou-se então, um pequeno mapa conceitual com o propósito de organizar, representar e especificar as devidas áreas proporcionando uma melhor visualização e também um fácil entendimento dos temas estudados na rede.

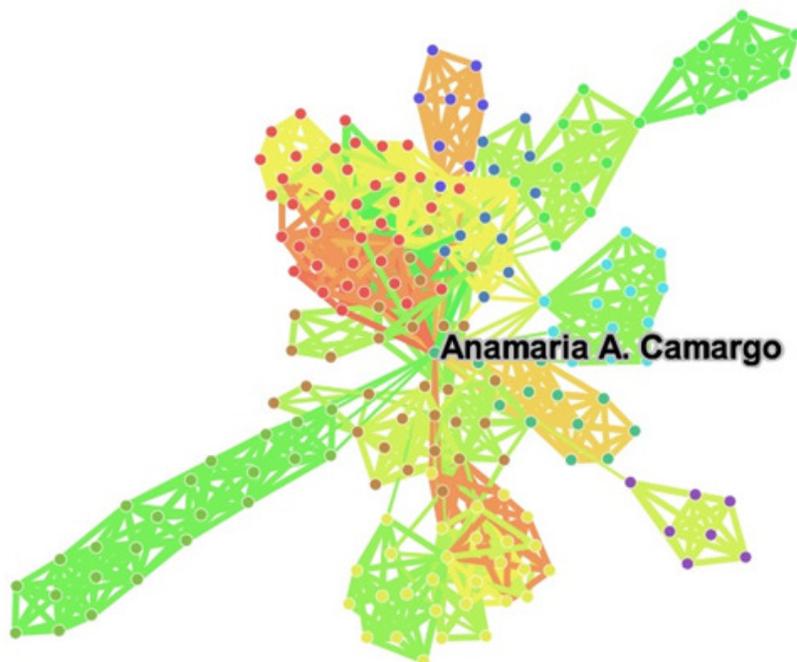
Figura 3: Mapa Conceitual das áreas do conhecimento mobilizadas por Anamaria Aranha Camargo



Fonte: elaboração da autora (2015)

O CiteSpace também é capaz de fornecer maneiras de identificar *clusters* em uma rede a partir de temáticas. No geral são vários *clusters* com temáticas diferentes, mas todas subordinadas a temática principal, neste caso a genômica do câncer. Assim os *clusters* são formados por atores que produziram juntos cientificamente em uma mesma temática. Utilizando a função "agrupamento" o CiteSpace diferencia os *clusters* através de cores, sendo cada *cluster* representado por uma temática ou linha de pesquisa e, portanto uma cor. Para isso, o CiteSpace gera etiquetas para frases nominais dos títulos (T), listas de palavras-chave (K) e palavras presentes em resumos (A) mais frequentes desses subgrupos. O grafo a seguir exemplifica a divisão dos *clusters* na rede.

Figura 4: *Clusters* da rede de Anamaria Aranha Camargo



Fonte: dados da análise da Base de dados da Web of Science ilustrados pelo CiteSpace

Como pode ser visto no grafo acima, cada grupo de nós e os próprios nós são representados e diferenciados por cores com objetivo de representar os diferentes tipos de relações similares na rede (*cluster*). Como principal característica, o *cluster* possui o interesse em comum por parte dos nós e também forte conexão entre eles. Cada cluster produz artigos de acordo com suas linhas de pesquisa sempre com subtemáticas da genômica do câncer.

Abaixo seguirão três exemplos de grafos que são as representações das etiquetas explicadas mais acima. São respectivamente grafos de Título (T), Palavras-chave (K) e Resumo (A) e são formas de representação de cluster que o CiteSpace fornece. O símbolo # é utilizado para informar que o agrupamento foi concluído e cada número ao seu lado representa um *cluster* diferente

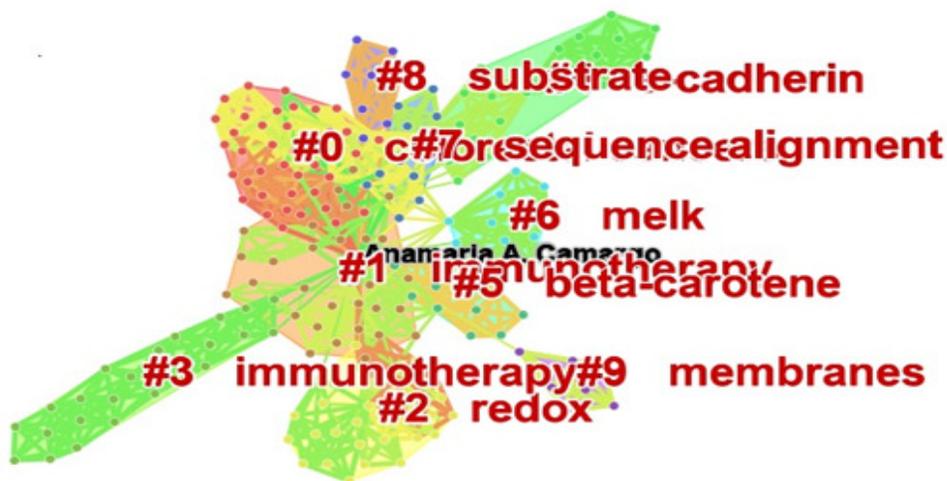
Figura 5: *Clusters* sob a etiqueta de Título (T)



Fonte: dados da análise da Base de dados da Web of Science ilustrados pelo CiteSpace.

Este é o grafo de etiquetas de título e como pode ser visto as palavras que aparecem ao lado do símbolo # e do número são as palavras mais frequentes nos títulos dos artigos produzidos em cada *cluster*. Essas palavras direcionam o usuário às principais temáticas abordadas. Salienta-se que são temáticas subordinadas a genômica do câncer.

Figura 6: *Clusters* sob a etiqueta de palavra-chave (K)



Fonte: dados da análise da Base de dados da Web of Science ilustrados pelo CiteSpace.

Este é o grafo de etiquetas de palavras-chave e igualmente ao grafo anterior, as palavras que aparecem ao lado do símbolo # e do número são as palavras mais frequentes, mas dessa vez nas palavras-chave dos artigos produzidos em cada *cluster*.

Figura 7: *Clusters* sobre a etiqueta de resumo (A)



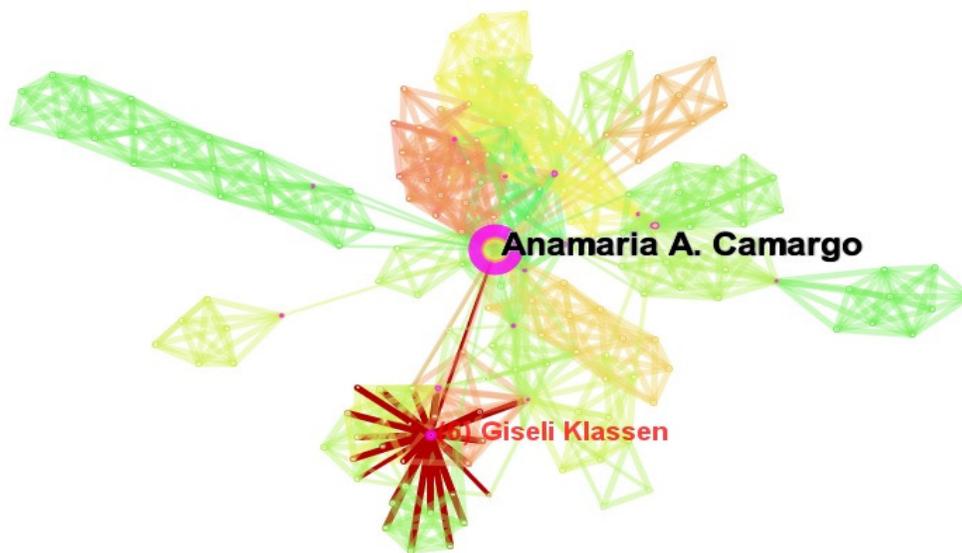
Fonte: dados da análise da Base de dados da Web of Science ilustrados pelo CiteSpace.

Este último grafo é o grafo de etiquetas de resumo e como os grafos anteriores, as palavras que aparecem ao lado do símbolo (#) e do número são as palavras mais frequentes, agora representam os resumos dos artigos produzidos em cada *cluster*.

Como visto nos grafos acima, essas palavras são as mais frequentes no título, nas palavras-chave e nos resumos e, portanto, são as temáticas mais frequentes nas produções científicas. Essas temáticas são subordinadas as mapeadas e presentes no mapa conceitual mostrado mais acima e esta função, a de agrupamento, foi utilizada justamente para confirmar as áreas dispostas no mapa conceitual.

O último objetivo proposto neste trabalho foi a visualização das formas de cooperações e também o maior período de produção de todos os envolvidos com relação à Anamaria. Seja através dos fluxos informacionais ou pelo contexto espaço/temporal entre os atores. Os resultados alcançados foram analisados não só pelo desenho da rede ou pela produção científica, mas também a partir das relações existentes entre o nó central, os alteres e os hubs. Segundo Handl e Bussacos¹⁸ (2013) a partir da visão de Karen Stephenson, conceitua-os como indivíduos diretamente conectados com muitos nós em uma rede. São altamente confiáveis, indispensáveis no fluxo informacional e possuem maior centralidade de grau¹⁹ (STEPHESON *apud* HANDL; BUSSACOS, 2013). Portanto, os hubs são pessoas que mobilizam um maior número de nós em uma rede e por isso a alta centralidade de grau. Neste caso os hubs estão fortemente amarrados a Anamaria e conectam a ela outros atores. Abaixo segue um grafo para exemplificar a relação de um hub com o nó central da rede.

Figura 7: Exemplo de Centralidade de Grau no CiteSpace



Fonte: dados da análise da Base de dados da Web of Science ilustrados pelo CiteSpace.

Este grafo representa um exemplo de um hub na rede. O hub Giseli Klassen mobiliza e conecta a Anamaria todos os pontos (alteres) deste galho vinho. Cada nó representado pelos pontos está sendo mobilizados por Klassen até Anamaria e o galho representa o caminho percorrido por cada nó até o hub (Klassen) e, por conseguinte ao ego (Anamaria). O número que antecede o seu nome é referente ao número de produções científicas feitas com o ego.

O fluxo informacional da rede de Anamaria é caracterizado pela cooperação entre os nós. Por se tratar de uma rede de ego, Ananaria é o nó principal e ao seu redor estão todos os outros nós, os alteres. Esses alteres estão conectados a Ananaria de forma direta ou por meio dos hubs que são os alteres de maior centralidade de grau, uma vez que amarram os outros nós ao nó central, mobilizam a rede e informam o caminho percorrido.

Como a ARS tem a função de observar e analisar o fluxo informacional foi possível a partir da ARS do "tipo ego" entender a construção dos elos pelos atores em produção de conhecimento, mapear os atores de maior centralidade de grau e ver como eles mobilizam energia na rede por meio da cooperação.

Os hubs na rede não são necessariamente os mais frequentes em produção científica, mas sim os nós que propiciam uma posição favorável a fazer ligações entre o nó central e os outros nós. Para exemplificar as relações dos hubs com os outros alteres segue abaixo uma tabela de centralidade de grau fornecida pelo CiteSpace que mostra os valores de centralidade. Assim como a tabela 2, para a elaboração dessa tabela foi feito também um *ranking*. Neste

caso os hubs de até 0.9 de centralidade estão expostos. Esses dados também foram calculados e organizados pelo CiteSpace.

Tabela 3: Centralidade de grau dos hubs da rede de Anamaria Aranha Camargo

Hub	Centralidade
Giseli Klassen	0.22
Daniel G. Pinheiro	0.20
Otavia L. Caballero	0.19
Cong Zhu	0.19
Eloiza H. Tajara	0.18
Fernando A. Soares	0.17
Andrew J. G. Simpsom	0.14
Isabela W. Cunha	0.13
André L. Carvalho	0.12
Ana Maria Fraga	0.12
Pedro A. F. Galante	0.12
Fabricio F. Costa	0.12
Raphael B. Parmigiani	0.10
Fábio C. P. Navarro	0.10
Elena Taycher	0.9

Fonte: Dados gerados pelo CiteSpace (2015)

O compartilhamento de informações na rede de Anamaria é extremamente interligado. As produções científicas possuem temas muito semelhantes e não fogem da temática principal do nó central. É perceptível a especificação do assunto, aprofundando-se em temas como marcadores tumorais, tipos de câncer, farmacogenômica, imunoterapia, efeitos pré-quimioterápicos e até mesmo a saúde da mulher e do bebê. É uma rede de conhecimento egocêntrica fundamentada na cooperação e muitos atores se repetem em várias produções. Os atores citados na tabela 2 foram os que mais produziram, entretanto não significa que possuem uma maior centralidade de grau. Os hubs citados na tabela 3 sim exercem uma maior energia social, mesmo em alguns casos, onde os atores não têm mais que uma produção junto a Anamaria. São considerados hubs por conectarem o nó focal a outros. São eles que fazem a ligação entre os atores e Anamaria e, portanto possuem uma maior centralidade de grau. De acordo com a exposição dos dados no CiteSpace o maior período de produção científica foi o período de 2002 a 2010.

Todo o processo deste trabalho fundamentou-se no alcance dos objetivos traçado, a fim de observar e analisar a estrutura da comunicação científica na genômica do câncer em uma rede egocêntrica por meio da ARS, tratando especificamente o mapeamento da produção

científica, o estudo aprofundado sobre os perfis dos atores da rede, as áreas do conhecimento mobilizadas e as formas de cooperações entre o nó central, os hubs e os alteres. A próxima seção traz as considerações finais encerrando esta produção.

8 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Em vista do que foi apresentando, compreende-se que a ARS é um método de extrema eficácia para análise estrutural da produção científica de uma rede. Esse método permite a visualização e a compreensão da infinitude das conexões entre os componentes que geralmente estão em busca de uma mesma necessidade informacional ou de produzir cientificamente junto a outros atores sobre um tema em comum.

Constatou-se também que impulsionadas pela internet de maneira não-linear, as redes de conhecimento possuem um fluxo informacional caracterizado pelas relações dos atores na troca de informações para a produção científica. É dinâmico, não-sequencial e ágil, uma vez que as discussões são simultâneas.

O estudo aprofundado sobre os tipos de rede e também sobre os personagens que nela atuam como, por exemplo: nó central, alter, hubs e também os conceitos como: elo, rede egocêntrica, capital social e centralidade de grau, possibilitou não só a visualização, mas também o entendimento do funcionamento de uma rede social de conhecimento, ilustrando a construção do fluxo informacional a partir dos elos construídos pelos nós.

O compartilhamento de informações e, por conseguinte a produção de conhecimento na rede de Anamaria é pautada dentro de uma temática única, a genômica do câncer. Entretanto, não impediu que o assunto fosse se especificando ao longo dos 29 artigos de acordo com a necessidade de pesquisa naquele presente momento. A rede da Anamaria é formada por pesquisadores, professores e médicos, todos com doutorado e alguns com o pós-doutorado e graças a estes pesquisadores muitas pesquisas e também descobertas para o mercado estão sendo disseminadas e em sua grande maioria são pioneiros em suas especializações.

A genômica é uma ciência que se ancora no reparo do DNA, sua produção científica no Brasil encontra-se em alta e muitas descobertas ainda estão por vir. A rede apresentada neste trabalho é composta por fortes pesquisadores da área. Com o foco na cura do câncer, a genômica se caracteriza como uma ciência preditiva, uma ciência de prevenção.

Conclui-se também que as relações entre os atores e o nó central foram criadas a partir de interesses em comum, sem a presença de uma hierarquia embora ela represente a

autoridade científica dentro da rede. O conhecimento é produzido por todos e concretizados ainda de forma tradicional no periódico científico, embora seja um processo dinâmico por possuir flexibilidade, ausência de hierarquia e ausência de fronteiras geográficas devido as tecnologias de comunicação e informação.

O fluxo informacional é caracterizado pelas relações dos atores na troca de informações para a produção científica. No caso da pesquisa, o nó central foi a professora/pesquisadora Anamaria A. Camargo e todo fluxo informacional partiu de suas relações com os outros nós, sejam de forma direta ou pelas ligações feitas através dos hubs. Por meio dos hubs foi possível ver a mobilização social dentro da rede a partir da posição de cada hub, possibilitando a troca informacional, assumindo o papel de intermediadores entre Anamaria e os outros nós.

Fazendo um breve balanço, esta produção conseguiu atingir todos os objetivos traçados de forma acurada. O primeiro objetivo foi alcançado já na recuperação da produção científica de Anamaria na base de dados da *Web of Science* e foi de fácil realização. Quanto ao segundo objetivo, entender a configuração da produção de conhecimento de rede por meio de estudo aprofundado sobre os atores que se relacionam com ela, foi um processo um tanto mais lento e exaustivo e contemplou um total de 19 atores. Nesta busca, foi recuperado os dados pessoais, profissionais, linhas de pesquisa e locais de trabalho através da Plataforma Lattes e do site Escavador.

O terceiro objetivo, especificar as áreas do conhecimento que foram mobilizadas a partir dela. Este objetivo foi alcançado de forma mais simples e direta que o anterior, uma vez que nele já foram recuperadas as linhas de pesquisas dos atores mais frequentes. Sendo necessário somente fazer um mapa conceitual a fim de exemplificar melhor as áreas e relacioná-las a Genômica do Câncer de acordo com suas posições na área das Ciências Biológicas. E, por último, o quarto objetivo que era visualizar as formas de cooperação e também o período de maior produção de todos envolvidos com relação à rede estudada. Sem dúvidas o mais difícil, uma vez que contou com a interpretação dos dados exposto em forma de grafo a partir do método da ARS egocêntrica, sendo considerada qualitativa.

A presente pesquisa contribui para a disseminação da metodologia de Análise de Redes Sociais egocêntricas nos estudos das estruturas da produção científica, antes apresentada pioneiramente pela professora Lidiane Carvalho em 2014. Contribui também para a inserção do bibliotecário em outras esferas do conhecimento e para o uso de uma ferramenta pouco abordada e utilizada na Biblioteconomia, o CiteSpace. Um software gratuito que monta redes a partir de dados da *Web of Science* ou da PubMed que é de suma importância para a

biblioteconomia, pois possui uma visão bibliométrica ao avaliar e medir a produtividade dos atores e também por ilustrar estas relações.

Por fim, este trabalho teve como foco principal a aplicação de seus resultados nos estudos sociais da ciência, bem como servir de fonte de informação para a produção de indicadores para tomada de decisões em investimento na área da saúde.

9 REFERÊNCIAS

_____. **NBR 14724**: Informação e documentação: Trabalhos acadêmicos - apresentação. Rio de Janeiro, ago. 2011. 11 p.

_____. **NBR 6023**: Informação e Documentação: Referências. Rio de Janeiro, ago. 2002. 24 p.

_____. **NBR 6027**: Informação e Documentação: Sumário. Rio de Janeiro, dez. 2012. 3 p.

_____. **NBR 6024**: Informação e Documentação: Numeração progressiva das seções de um documento. Rio de Janeiro, fev. 2012. 4 p.

_____. **NBR 6028**: Informação e Documentação: Resumo. Rio de Janeiro, Nov. 2003. 2 p.

BETTONI, F. **Identificação de novos transcritos no genoma humano utilizando dados de alinhamento entre sequências expressas e a sequência genômica**. 2003. 154 f. Dissertação de Mestrado - Fundação Antônio Prudente. São Paulo. 2003. Disponível em: <http://www.dominiopublico.gov.br/pesquisa/DetalheObraForm.do?select_action=&co_obra=25683> Acesso em 09 fev. 2015.

BOURDIEU, Pierre. **Os usos sociais da ciência: por uma sociologia clínica do campo científico**. São Paulo: Editora UNESP, 2004. Disponível em: <https://cienciastecnologiasassociedades.files.wordpress.com/2011/10/pierre_bourdieu_-_os_usos_sociais_da_cic3aancia.pdf> Acesso em: 15 maio 2015.

CAMPOS, Maria Luiza de Almeida. Integração de Ontologias: o domínio da Bioinformática. **Revista Eletrônica de Comunicação, Informação & Inovação em Saúde**, v. 1, n. 1, p. 117.

Disponível em: <<http://www.reciis.icict.fiocruz.br/index.php/reciis/article/view/896/1539>>

Acesso em 02 jun. 2015

CARVALHO, Lidiane dos Santos. **Informação e genética humana: o sequenciamento de uma cultura científica**. 2014. 234 f. Tese de Doutorado - Universidade Federal do Rio de Janeiro, Instituto Brasileiro de Informação. Rio de Janeiro. 2014.

CASTRO, Regina C. Figueiredo. Impacto da Internet no fluxo da comunicação científica em saúde. **Revista Saúde Pública**, v. 40, s.p., p. 57-68. 2006. Disponível em:

<http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0034-89102006000400009>

Acesso em: 10 maio 2015.

CENTRO DE PESQUISA SOBRE O GENOMA HUMANO E CÉLULAS –TRONCO. **O projeto genoma humano**. Traduzido e adaptado de

http://www.ornl.gov/sci/techresources/Human_Genome/publicat/primer2001/4.shtml .

Disponível em: <<http://genoma.ib.usp.br/sites/default/files/projeto-genoma-humano.pdf>>

Acesso em: 13 fev. 2015

CHAOMI, Chen; IBEKWE-SANJUAN, Fidelia; HOU, Jianhu. The Structure and Dynamics of Co-Citation Clusters: A Multiple-Perspective Co-Citation Analysis. **Journal of the American Society for Information Science and Technology**. Disponível em:

<<http://arxiv.org/ftp/arxiv/papers/1002/1002.1985.pdf>> Acesso em: 10 maio 2015.

CHEN, Chaomi. **The CiteSpace Manual**. 84 p. 2014. Disponível

em: <<http://cluster.ischool.drexel.edu/~cchen/citespace/CiteSpaceManual.pdf>> Acesso em: 10 maio 2015.

CHEN, Chaomi. **CisteSpace: Visualizing Patterns and Trends in Scientific Literature**.

Disponível em: <<http://cluster.ischool.drexel.edu/~cchen/citespace/>> Acesso em: 02 junho 2015.

CHEN, Chaomi; KIM, MeenChul. A scientometric review of emerging trends and new developments in recommendation systems. **Scientometrics**, 2015. Disponível em:

<http://www.researchgate.net/profile/Chaomei_Chen/publication/274382952_A_scientometri

c_review_of_emerging_trends_and_new_developments_in_recommendation_systems/links/546ca590cf234bdb21da774.pdf> Acesso: em 02 jun. 2016

CONSELHO DE INFORMAÇÕES SOBRE BIOTECNOLOGIA. Bioinformática: dos tubos de ensaio para os computadores. **Biotech: informação científica sobre biotecnologia**, v. 2, n. 1, p. 2, fev., 2004.

CORRÊA, Marilena V. O admirável projeto genoma humano. **PHYSIS: Rev. Saúde Coletiva**, Rio de Janeiro, v.12, n. 2, p. 277-299, 2002. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/physis/v12n2/a06v12n2>> Acesso em: 02 jun. 2015.

CENTRO DE PESQUISA EM ONCOLOGIA MOLECULAR. **Genômica do Câncer**. Disponível em: <<http://www.hcancerbarretos.com.br/linhas-de-pesquisa-cpom?id=303:genomica-funcional-do-cancer&catid=179>> Acesso: 07 jun

CRUZ, Ruleandson do Carmo. **Cultura informacional e distinção: a orkutização sob olhar social da ciência da informação**. 2014. 228 f. Tese de Doutorado - Universidade Federal de Minas Gerais. Belo Horizonte. 2014. Disponível em: <http://www.bibliotecadigital.ufmg.br/dspace/bitstream/handle/1843/BUBD-9RFMCQ/cultura_informacional_e_distin_o_defesa.pdf?sequence=1> Acesso em: 30 maio 2015

DELGADO, SvenSchafers; SANTOS, Selma Regina Simões; CÔRTEZ, Mauro Rocha. **Mapeamento da rede egocêntrica de uma empresa automobilística e seus fornecedores, através da análise de redes sociais: aspectos de cooperação, de confiança, de centralidade e de poder**. In: ENCONTRO NACIONAL DE ENGENHARIA DE PRODUÇÃO, 29, 2009. Salvador, BA. 15 p. Disponível em: <http://www.abepro.org.br/biblioteca/enegep2009_tn_sto_108_721_14110.pdf> Acesso em: 2 maio 2015.

DIAS, Claudia Augusto. **Comunicação científica**. Disponível em: <<http://reocities.com/CLAUDIAAD/COMUNICA.PDF>> Acesso em: 14 jul. 2015.

DIAS NETO, Emmanuel. O projeto genoma humano e a contribuição do projeto genoma do câncer brasileiro. **Biológico**, v.63, n.1/2, p.33-35, jan./dez., 2001. Disponível em: <http://www.biologico.sp.gov.br/docs/bio/v63_1_2/dias.pdf> Acesso em: 13 nov. 2014.

ESCAVADOR. Anamaria Aranha Camargo. Disponível em: <<http://www.escavador.com/pessoas/7639269#premios>> Acesso em: 01 jun 2015.

ESCAVADOR. Erico Tosoni Costa. Disponível em: <<http://www.escavador.com/pessoas/3327421>> Acesso em: 13 maio 2015.

ESCAVADOR. Isabela Werneck da Cunha. Disponível em: <<http://www.escavador.com/pessoas/5039520>> Acesso em 13 maio 2015.

FURLAN, Luiz Roberto; FERRAZ, André Luiz Julien; BORTOLOSSI, Júlio César. A genômica funcional no âmbito da produção animal: estado da arte e perspectivas. **R. Bras. Zootec.**, v.36, suplemento especial, p.331-341, 2007. Disponível: <http://www.scielo.br/scielo.php?pid=S1516-35982007001000030&script=sci_arttext> Acesso em: 20 fev. 2015.

FUTREAL, Andrew; STRATTON, Michael R.; CAMPBELL, Michael. The cancer genome. **Nature**, v. 459, n. 9, april, 2009.

GIANTS IN GENOMICS. **Giants in genomics: Frederick Sanger**. Disponível em: <<http://www.yourgenome.org/stories/giants-in-genomics-fred-sanger>> Acesso em 13 fev. 2015.

GILBERT, Walter. Rumo ao proteoma. **Ciência hoje**, v. 29, n. 17, 2001. Disponível em: <http://cienciahoje.uol.com.br/revista-ch/revista-ch-2001/173/o-leitor-pergunta-173/pdf_aberto/ENTREVIS.PDF/view?searchterm=Rumo%20ao%20proteoma> Acesso em: 25 mar. 2015.

HANDL, Pablo; BUSSACOS, Henrique. **Impact Hub Workshop Governança e Inovação em Rede**. São Paulo: Impact Hub São Paulo, 2013. 38 slides., color. Disponível em: <<http://pt.slideshare.net/ImpactHubSP/impact-hub-workshop-governanca-e-inovacao-em-rede>> Acesso em: 29 maio 2015.

INSTITUTO ONCOGUIA. **O que é câncer**. Disponível em: <<http://www.oncoguia.org.br/conteudo/cancer/12/1/%20Acesso%20em:%2009%20fev.%202015>> Acesso em: 9 fev. 2015.

INSTITUTO ONCOGUIA. **Quais as Novidades sobre os Marcadores Tumorais?** Disponível em: <<http://www.oncoguia.org.br/conteudo/quais-as-novidades-sobre-os-marcadores-tumorais/4017/683/>> Acesso em: 26 maio 2015.

KIMURA, Edna, T.; BAÍA, Gislon S. Rede ONSA e o Projeto Genoma Humano do Câncer: Contribuição ao Genoma Humano. **Arq Bras Endocrinol Metab.** v. 46, n. 4, p. 325-329, ago. 2002. Disponível: <http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0004-27302002000400003> Acesso em: 20 abr. 2015.

LUDWING CANCER RESEARCH. Robert Strausberg. Disponível em: <<http://www.ludwigcancerresearch.org/bio/robert-l-strausberg-phd>> Acesso em: 13 maio 2015.

MARTELETO, Regina Maria. Análises de redes sociais - aplicação nos estudos de transferência da informação. **Ci. Inf.**, Brasília, v. 30, n. 1, p. 71-81, jan./abr. 2001. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/ci/v30n1/a09v30n1.pdf>> Acesso: 19 abr. 2015.

MARTINELLI, Maria de Fátima Mendes; Teixeira, Carmen Fontes. Comunicação científica em saúde no Brasil: revisão de literatura. **Cadernos de Pesquisa Interdisciplinar em Ciências Humanas.** v.15, n.106, p. 91-11, jan./jun. 2014. Disponível em: <<https://periodicos.ufsc.br/index.php/cadernosdepesquisa/article/view/1984-8951.2014v15n106p91>> Acesso em: 10 abr. 2015.

MIKLOS, George L Gabor. The Human Cancer Genome Project—one more misstep in the war on cancer. **Nature Biotechnology**, v. 23, n. 5, may, 2005.

MUELLER, Suzana Pinheiro Machado. A ciência, os sistemas de comunicação e a literatura científica. In: CAMPELLO, Bernadete Santos; CEDÓN, Beatriz Valadares; KREMER, Jeannette Marguerite. (Org.). Fontes de informação para pesquisadores e profissionais. Belo Horizonte: Ed. UFMG, 2000. p. 21-34.

MUELLER, Suzana Pinheiro Machado. A comunicação científica e o movimento de acesso livre ao conhecimento. **Ci. Inf.**, Brasília, v. 35, n. 2, p. 27-38, maio/ago. 2006. Disponível em: <http://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0100-19652006000200004&script=sci_arttext> Acesso em: 01 abr. 2015.

ODDONE, Nanci; MEIRELLES, Rodrigo. O Portal de Periódicos da CAPES e os indicadores de desempenho da informação eletrônica. **DataGramaZero - Revista de Ciência da Informação**, v.7 n.3 jun. 2006. Disponível em: <http://dgz.org.br/jun06/Art_02.htm> Acesso em: 30 abr. 2015.

Ow, Thomas J., et. al. Integration of cancer genomics with treatment selection: from the genome to predictive biomarkers. **Cancer**, v. 199, n. 22, p. 3914-3928, 2013. Disponível em: <<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/24037788>> Acesso: 01 mar. 2015.

PENA, Sérgio Danilo. **Medicina genômica: a ciência de manter a saúde**. Disponível em: <<http://cienciahoje.uol.com.br/colunas/deriva-genetica/medicina-genomica-a-ciencia-de-manter-a-saude>> Acesso em 10 abr. 2015

PINTO, Fabiana G. S. **Sequenciamento genômico: técnicas e aplicações**. Paraná: UNIOESTE, 2008. 61 slides., color. Disponível em: <http://www.unioeste.br/cursos/cascavel/biotecnologia/aulas/2008/aula_seq_genomico_2008_biotec.pdf> Acesso em: 20 fev. 2015.

PLATAFORMA LATTES. Sobre a Plataforma. Disponível em: <<http://lattes.cnpq.br/>>. Acesso em: 05 maio 2015.

PLATAFORMA LATTES. Anamaria Aranha Camargo. Disponível em:
<<http://buscatextual.cnpq.br/buscatextual/visualizacv.do?id=K4795819Y3>> Acesso em: 13 maio 2015.

PLATAFORMA LATTES. Ana Tereza R. Vasconcelos.
Disponível:<<http://lattes.cnpq.br/8989199088323836>> Acesso em: 13 maio 2015.

PLATAFORMA LATTES. Andrew J. G. Simpson. Disponível
em:<<http://lattes.cnpq.br/2012018309979339>> Acesso em: 13 maio 2015.

PLATAFORMA LATTES. Daniela F. Ierardi. Disponível
em:<<http://lattes.cnpq.br/0465621532344009>> Acesso em: 13 maio 2015.

PLATAFORMA LATTES. Edneia Amancio de Souza Ramos Cavalieri. Disponível
em:<<http://lattes.cnpq.br/9489217441837089>>Acesso em: 13 maio 2015.

PLATAFORMA LATTES. Fábio C. P. Navarro. Disponível
em:<<http://lattes.cnpq.br/4781635714444114>> Acesso em: 13 maio 2015.

PLATAFORMA LATTES. Fabiana Bettoni. Disponível em:
<<http://lattes.cnpq.br/2762913991149788>>Acesso em: 13 maio 2015.

PLATAFORMA LATTES. Fernando Augusto Soares. Disponível em:
<<http://lattes.cnpq.br/9150503056390851>>Acesso em: 13 maio 2015.

PLATAFORMA LATTES. Giseli Klassen. Disponível
em:<<http://lattes.cnpq.br/9864315072734894>> Acesso em: 13 maio 2015.

PLATAFORMA LATTES. Iglénir J. Cavalli. Disponível
em:<<http://lattes.cnpq.br/4781635714444114>> Acesso em: 13 maio 2015

PLATAFORMA LATTES. Otavia Luiza Sila Damas Caballero. Disponível em: <<http://lattes.cnpq.br/5809802955703078>> Acesso em: 13 maio 2015

PLATAFORMA LATTES. Pedro A. Galante. Disponível em: <<http://lattes.cnpq.br/7088671536375473>> Acesso: 13 maio 2015

PLATAFORMA LATTES. Fabrício F. Costa. Disponível em: <<http://lattes.cnpq.br/7830223729783807>> Acesso em: 13 maio 2015

PLATAFORMA LATTES. Raphael B. Parmigiani. Disponível em: <<http://buscatextual.cnpq.br/buscatextual/visualizacv.do?metodo=apresentar&id=K4775323A>> Acesso em: 13 maio 2015

PLATAFORMA LATTES. Silvio Marques Zanata. Disponível em: <<http://lattes.cnpq.br/1574808996231296>> Acesso em: 13 maio 2015.

PLATAFORMA LATTES. Sandro J. de Souza. Disponível em: <<http://lattes.cnpq.br/8479967495464590>> Acesso em: 13 maio 2015.

SINGER, Emily. **Genômica do Câncer: Descifrando a genética oculta tras a enfermidade**. Traducido por Francisco Reyes. Disponível em: <<https://www.technologyreview.es/biomedicina/37717/tr10-genomica-del-cancer/>> Acesso em: 09 fev. 2015.

STRAUSBERG, RL. An international database and integrated analysis tools for the study of cancer gene expression. **The Pharmacogenomics Journal**, 2, 156–164, 2002. Disponível em: <<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/12082587>> Acesso em: 13 nov 2014.

TARGINO, Maria das Graças. Comunicação Científica: uma revisão de seus elementos básicos. **Informação & Sociedade: Estudos**, v. 10, n. 2, p.1-26, 2000. Disponível em: <<http://www.brapci.ufpr.br/documento.php?dd0=0000001182&dd1=098ce>> Acesso em: 25 maio 2015.

TOMAÉL, Maria Inês. **Redes de conhecimento: o compartilhamento da informação e do conhecimento em consórcio de exportação do setor moveleiro**. 2005. 292 f. Tese de doutorado - Programa de Pós-graduação em Ciência da Informação da Escola de Ciência da Informação da UFMG, Belo Horizonte, 2005. Disponível em:
<http://www.bibliotecadigital.ufmg.br/dspace/bitstream/handle/1843/EARM-6ZFQFX/doutorado___maria_in_s_toma_1.pdf?sequence=1> Acesso em: 25 abr 2015.

APÊNDICE

Clusters da Rede de AnaMaria Aranha Camargo e suas produções científicas

Produções Científicas do Cluster #0

CAMARGO, A. A.; GALANTE, Pedro A. F.; PARMIGIANI, Raphael B.; HINSKE, Ludwig Christian; LIMBECK, Elisabeth; MÖHNLE, Patrick; OHNO-MACHADO, Lucila; KRETH, Simone com a produção científica: **Alternative Polyadenylation Allows Differential Negative Feedback of Human miRNA miR-579 on Its Host Gene ZFR.**

DONNARD, E.; ASPRINO P.F.; CORREA, B. R.; BETTONI, F.; KOYAMA, F.C.; NAVARRO, F.C.; PEREZ, R.O.; MARIADASON J.; SIEBER, O.M.; STRAUSBERG R.L.; SIMPSON A.J., JARDIM, D.L.; REIS, L.F.; PARMIGIANI, R.B.; GALANTE, P.A.; Camargo A.A. Com a produção científica: **Mutational analysis of genes coding for cell surface proteins in colorectal cancer cell lines reveal novel altered pathways, druggable mutations and mutated epitopes for targeted therapy.**

Qi Zhao; KIRKNES, Ewen F.; CABALLERO, Otavia L.; GALANTE, Pedro A.; PARMIGIANI, Raphael B., EDSALL, Lee; KUAN, Samantha; Zhen Ye; LEVY, Samuel; VASCONCELOS, Ana Tereza R.; Bing Ren; SOUZA, Sandro J.; CAMARDO A. A.; SIMPSON, Andrew J. G.; STRAUSBERG, Robert L. Com a produção científica: **Systematic detection of putative tumor suppressor genes through the combined use of exome and transcriptome sequencing.**

SCHRIDER Daniel R.; NAVARRO, Fabio C. P.; GALANTE, Pedro A. F.; PARMIGIANI, Raphael B.; CAMARGO, A. A.; HAHN, Matthew W.; SOUZA, Sandro J. de. Com a produção científica:

Gene Copy-Number Polymorphism Caused by Retrotransposition in Humans.

GALANTE, Pedro A. F.; PARMIGIANI, Raphael B.; Qi Zhao; CABALLERO, Otavia L.; SOUZA, Jorge E. de; NAVARRO, Fabio C. P.; GERBER, Alexandra L.; NICOLAS, Marisa F.; SALIM, Anna Christina M.; SILVA, Ana Paula M.; EDSALL, Lee; DEVALLE, Sylvie; ALMEIDA, Luiz G.; Zhen Ye; KUAN, Samantha; PINHEIRO, Daniel G.; TOJAL, Israel; PEDIGONI, Renato G.; SOUSA, Rodrigo G. M. A. de; OLIVEIRA, Thiago Y. K.; DE PAULA, Marcelo G.; OHNOMACHADO, Lucila.; KIRKNESS, Ewen F.; LEVY, Samuel; SILVA JR, Wilson A.; VASCONCELOS, Ana Tereza R.; REN, Bing; ZAGO, Marco Antonio; STRAUSBERG, Robert L.; SIMPSON, Andrew J. G.; SOUZA, Sandro J. de; CAMARGO, A. A. Com a produção científica: **Distinct patterns of somatic alterations in a lymphoblastoid and a tumor genome derived from the same individual.**

GALANTE, Pedro A. F.; VIDAL, Daniel O.; SOUZA, Jorge E. de; CAMARGO, A. A.; SOUZA, Sandro J. de. Com a produção científica: **Sense-antisense pairs in mammals: functional and evolutionary considerations.**

Produções Científicas do Cluster #1

TEIXEIRA, Veronica R.; COSTA, Fabricio F.; MEDEIROS, Raphael S.; IERARDI, Daniela F.; NONOGAKI, Suely; SOARES, Fernando A.; CAMARGO, A. A.; CHAMAS, Roger com a produção científica: **Loss of galectin-3 gene expression by epigenetic mechanisms is associated with nodal metastasis in human breast cancer.**

VERBISCK, Newton V.; COSTA, Erico T.; COSTA, Fabricio F.; CAVALHER, Felicia P.; COSTA, Michele D. M.; MURAS, Angelita; PAIXAO, Valeria A.; MOURA, Ricardo; GRANATO, Mariana F.; IERARDI, Daniela F.; MACHADO, Tamara; MELO, Fabiana; RIBEIRO, Karina B.; CUNHA, Isabela W.; LIMA, Vladmir C. C.; MACIEL, Maria do Socorro; CARVALHO, Andre L.; SOARES, Fernando F.; ZANATA, Silvio; SOGAYAR, Mari C.; CHAMMAS, Roger; CAMARGO, A. A. Com a produção científica: **ADAM23 Negatively Modulates $\alpha(v)\beta(3)$ Integrin Activation during Metastasis.**

PARMIGIANI, Raphael B.; BETTONI, Fabiana; VIBRANOVSKI, Maria D.; LOPES, Marilene H.; MARTINS, Waleska K.; CUNHA, Isabela W.; SOARES, Fernando A.; SIMPSON, Andrew J. G.; SOUZA, Sandro J. de; CAMARGO, A. A. Com a produção científica: **Characterization of a cancer/testis (CT) antigen gene family capable of eliciting humoral response in cancer patients.**

COSTA, Michele D. M.; PALUDO, Katia S.; KLASSEN, Giseli; LOPES, Marilene H.; MERCADANTE, Adriana F.; MARTINS, Vilma R.; CAMARGO, A. A.; NAKAO, Lia S.; ZANATA, Silvio M. Com a produção científica: **Characterization of a specific interaction between ADAM23 and cellular prion protein.**

BETTONI, Fabiana; CAMARGO FILHO, Fernando; GROSSO, Daniela M.; GALANTE, Pedro A. F.; PARMIGIANI, Raphael B.; GERALDO, Murilo V.; SILVA, Flavio Henrique; OBASHINJO, Sueli M.; MARIE, Suely K. N.; SOARES, Fernando A.; BRETANI, Helena P.; SIMPSON, Andrew J. G.; SOUZA, Sandro J. de; CAMARGO, A. A. Camargo. Com a produção científica: **Identification of FAM46D as a novel cancer/testis antigen using EST data and serological analysis.**

PARMIGIANI, Raphael B.; BETTONI, Fabiana; GROSSO, Daniela M.; LOPES, Ademar; CUNHA, Isabela W.; SOARES, Fernando A.; CARVALHO, Andre L.; FONSECA, Francisco; CAMARGO, A. A. Com a produção científica: **Antibodies against the cancer-testis antigen CTSP-1 are frequently found in prostate cancer patients and are an independent prognostic factor for biochemical recurrence.**

MASOTTI, Cibele; ORNELAS, Camila C.; SPLEDOR GORDONOS, Alessandra; MOURA, Ricardo; FELIX, Temis M.; ALONSO, N.; CAMARGO, A. A. Camargo; BUENO, Maria Rita Passos. Com a produção científica: **Reduced transcription of TCOF1 in adult cells of Treacher Collins syndrome patients**

SENISKI Gerusa G.; CAMARGO, A. A.; IERARDI, Daniela F.; RAMOS, Edneia A. S.; GROCHOSKI, M.; RIBEIRO, Enilze S. F.; CAVALLI, Iglénir J.; PEDROSA, Fabio O.; SOUZA, Emanuel M. de; ZANATA, Silvio M.; COSTA, Fabricio F.; KLASSEN, Giseli. Com a produção científica: **ADAM33 gene silencing by promoter hypermethylation as a molecular marker in breast invasive lobular carcinoma.**

CARVALHO, F.; COSTA, Erico T.; CAMARGO, A. A.; GREGORIO, Juliana C.; MASOTTI, Cibele; ANDRADE, Valeria C. C.; STRAUSS, Bryan E.; CABALLERO, Otavia L.; ATANACKOVIC, Djordje; COLLEONI, Gisele W. B. Com a produção cinetífica:

MAGE-C1/CT7 Inhibition Increases Myeloma Cell Line Sensitivity to Bortezomib-Induced Apoptosis: New Target for Myeloma Therapy?

DONNARD, Elisa; ASPRINO, Paula F.; CORREA, Bruna R.; BETTONI, Fabiana; KOYAMA, Fernanda C.; NAVARRO, Fabio C. P.; PEREZ, Rodrigo O.; MARIADSON, John; SIEBER, Oliver M.; STRAUSBERG, Robert L.; SIMPSON, Andrew J. G.; JARDIM, Denis L. F.; REIS, Luiz Fernando L.; PARMIGIANI, Raphael B.; GALANTE, Pedro A. F.; CAMARGO, A. A. Com a produção científica: **Mutational analysis of genes coding for cell surface proteins in colorectal cancer cell lines reveal novel altered pathways, druggable mutations and mutated epitopes for targeted therapy.**

Produção científica do cluster #2

Produção Cinetífica do Cluster #3

YANHUI, U Hu; ROLFS, Andreas; Bhupinder Bhullar; Tellamraju V. S. Murthy; Cong Zhu; BERGER, Michael F.; CAMARGO, A. A.; KELLEY, Fontina; MCCARRON, Seamus; JEPSON, Daniel; RICHARDSON, Aaron; RAPHAEL, Jacob; MOREIRA, Donna; TAYCHER, Elena; ZUO, Dongmei; MOHR, Stephanie; KANE, Michael F.; WILLIAMSON, Janice; SIMPSON, Andrew; BULYK, Martha L.; HARLOW, Edward; Gerald Marsischky; KOLODNER, Richard D.; LABAER, J. Com a produção científica: **Approaching a complete repository of sequence-verified protein-encoding clones for *Saccharomyces cerevisiae*.**

Produção Científica do Cluster #4

GALANTE, Pedro A. F.; PARMIGIANI, Raphael B.; QiZhao; CABALLERO, Otavia L.; SOUZA, Jorge E. de; NAVARRO, Fabio C. P.; GERBER, Alexandra L.; NICOLAS, Marisa F.; SALIM, Anna Christina M.; SILVA, Ana Paula M.; EDSALL, Lee; DEVALLE, Sylvie; ALMEIDA, Luiz G.; ZhenYe; KUAN, Samantha; PINHEIRO, Daniel G.; TOJAL, Israel; PEDIGONI, Renato G.; SOUSA, Rodrigo G.M. A. de; OLIVEIRA, Thiago Y. K.; DE PAULA, Marcelo G.; OHONOMACHADO, Lucila; KIRKNESS, Ewen F.; LEVY, Samuel; SILVA JR, WILSON, A.; VASCONCELOS, Ana Tereza R.; Bing Ren; ZAGO, Marco Antonio; STRAUSBERG, Robert L.; SIMPSON, Andrew J. G.; SOUZA, Sandro J. de; CAMARGO, Anamaria A.. Com a produção científica: **Distinct patterns of somatic alterations in a lymphoblastoid and a tumor genome derived from the same individual**

CALMON, Marília F.; COLOMBO, Juliana; CARVALHO, Fabrício; SOUZA, Fátima P.; FUKUYANA, Érica E.; CAMARGO, Anamaria Aranha; CABALLERO, Otavia L. S.; TAJARA, Eloiza H.; RAHAL, Paula. Com a produção científica: **Methylation profile of genes CDKN2A (p14 and p16), DAPK1, CDH1, and ADAM23 in head and neck cancer.**

CALMON, M.F.; RODRIGUES, R.V.; KANETO, C.M.; MOURA, R.P.; SILVA, S.D.; MOTA, L.D.; PINHEIRO, D.G.; TORRES, C.; CARVALHO, A.F.de; CURY, P.M.; NUNES, F.D.; NISHIMOTO, I.N.; SOARES F.A.; KOWALSKI L.P.; BRETANI H.; ZANELLI C.F.; Silva Jr, W.A.; Rahal, P; Tajara, E.H.; Carraro, D.M.; Camargo, AA; Valentini, S.R. Com a produção científica: **Epigenetic silencing of CRABP2 and MX1 in head and neck tumors.**

Produção Científica do Cluster #5

CARVALHO, Fabricio de; COSTA, Erico T., CAMARGO, Anamaria A.; GREGORIO, Juliana C.; MASOTTI, Cibele, ANDRADE, Valeria C.C.; Bryan E Strauss, CABALLERO, Otavia L., Djordje Atanackovic; COLLEONI, Gisele W.B. com a produção científica: **MAGE-C1/CT7 inhibition increases myeloma cell sensitivity to bortezomib-induced apoptosis: New target for myeloma therapy?**

MELLO, Joana Carvalho Moreira de; ARAÚJO, Érica Sara Souza de; STABELLINI, Raquel; FRAGA, Ana Maria; SOUZA, Jorge Estefano Santana de; SUMITA, Denilce R.; CAMARGO, Anamaria A., Lygia V. Com a produção científica: **Random X Inactivation and Extensive Mosaicism in Human Placenta Revealed by Analysis of Allele-Specific Gene Expression along the X Chromosome.**

Zhao, Q; KIRKNESS, E.F.; CABALLERO, O.L.; GALANTE, P.A.; PARMIGIANI, R.B.; EDSALL, L.; KUAN, S; Ye Z; LEVY, S.; VASCONCELOS, A.T.; REN, B.; SOUZA, S.J. de.; CAMARGO, A.A.; SIMPSON, A.J.; STRAUSBERG, R.L. Com a produção científica: **Systematic detection of putative tumor suppressor genes through the combined use of exome and transcriptome sequencing.**

DE CONTI, A.; KUROIWA-TRZMIELINA, J.; HORST, M.A.; BASSOLI, B.K.; CHAGAS, C.E.; PURGATTO, E.; CAVALHER, F.P.; CAMARGO, A.A.; JORDÃO JR, A.A.; VANNUCCHI, H; SCOLASTICI, C.; ONG, T.P.; MORENO, F.S. Com a produção científica: **Chemopreventive effects of the dietary histone deacetylase inhibitor tributyrin alone or in combination with vitamin A during the promotion phase of rat hepatocarcinogenesis.**

RAMOS, E.A.; CAMARGO, A.A.; BRAUM, K.; SLOWIK, R.; CAVALLI, I.J.; RIBEIRO, E.M.; PEDROSA, F. de O.; SOUZA, E.M. de; COSTA, F.F.; KLASSEN, G. Com a produção científica: **Simultaneous CXCL12 and ESR1 CpG island hypermethylation correlates with poor prognosis in sporadic breast cancer.**

Produção do Cluster #6

Carvalho, F.de; Costa, E.T.; Camargo, A.A.; GREGORIO, J.C.; MASOTTI, C.; ANDRARDE, V.C.; STRAUSS, B.E.; Caballero O. L., Atanackovic D, COLLEONI, G.W.; Com a produção científica: **Targeting MAGE-C1/CT7 expression increases cell sensitivity to the proteasome inhibitor bortezomib in**

multiplemyelomacelllines.

Marie S.K.; OKAMOTO, O.K.; UNO, M.; HASEGAWA, A.P.; OBA-SHINJO, S.M.; COHEN, T.; CAMARGO, A.A.; KOSOY, A.; CARLOTTI JR, C.G.; TOLEDO, S.; MOREIRA FILHO, C.A.; ZAGO, M.A.; SIMPSON, A.J.; CABALLERO, O.L. Com a produção científica: **Maternal embryonicleucinezipperkinasetranscriptabundance correlates withmalignancy grade in humanastrocytomas.**

QiZhao; KIRKNESS, Ewen F.; CABALLERO, Otavia L.; GALANTE, Pedro A.; PARMIGIANI, Raphael B., EDSALL, Lee.;KUAN, Samantha; ZhenYe; LEVY, Samuel;VASCONCELOS, Ana Tereza R.; Bing Ren; SOUZA, Sandro J.de; CAMARGO, Anamaria A.; SIMPSON, Andrew J. G.; STRAUSBERG, Robert L. Com a produção científica:**Systematicdetectionofputative tumor suppressor genes throughthecombined use ofexomeandtranscriptomesequencing.**

Produção Científica do cluster #7

ALMEIDA, L.G.;SAKABE, N.J.; OLIVEIRA, A. R. de; SILVA, M.C.; MUNDSTEIN, A.S.; COHEN, T.; CHEN, Y.T.; CHUA, R.; GURUNG, S.; GNJATIC, S.; JUNGBLUTH, A.A.; Caballero, O.L.; BAIROCH, A.; KIESLER E., WHITE, S.L.; SIMPSON, A.J.; OLDÓ, L.J.; CAMARGO, A.A.; Vasconcelos, A.T.Com a produção científica:**CTdatabase: a knowledge-base of high-throughput and curated data on cancer-testis antigens.**

GALANTE, Pedro A. F.; PARMIGIANI, Raphael B.; QiZhao; CABALLERO, Otavia L.; SOUZA, Jorge E. de; NAVARRO, Fabio C. P.; GERBER, Alexandra L.; NICOLAS, Marisa F.; SALIM, Anna Christina M.;SILVA, Ana Paula M.; EDSALL, Lee;DEVALLE, S.; ALMEIDA Luiz G.; ZhenYe; KUAN, Samantha;PINHEIRO, Daniel G.; TOJAL, Israel; PEDIGONI, Renato G.; SOUSA, Rodrigo G. M. A. de; OLIVEIRA, Thiago Y. K.;DE PAULA, Marcelo G.; OHONOMACHADO, Lucila; KIRKNESS, Ewen F.;LEVY, Samuel.;SILVA JR, Wilson A.; VASCONCELOS, Ana Tereza R.; Bing Ren; ZAGO, Marco Antonio;STRAUBERG, Robert L.; SIMPSON, Andrew J. G.; SOUZA, Sandro J. de; CAMARGO, Anamaria A.. Com a produção científica: **Distinct patterns of somatic alterations in a lymphoblastoid and a tumor genome derived from the same individual.**

QI ZHAO; Kirkness,Ewen F.; CABALLERO, Otavia L.; GALANTE, Pedro A.; PARMIGIANI, Raphael B.; EDSALL, Lee; KUAN, Samantha; Zhen Ye; LEVY, Samuel; VASCONCELOS, Ana Tereza R.; REN, Bing; SOUZA, Sandro J. de; CAMARGO,Anamaria A.; SIMPSON, Andrew J. G.;STRAUBERG, Robert L. Com a produção científica: **Systematic detection of putative tumor suppressor genes through the combined use of exome and transcriptome sequencing.**

Produção Científica do cluster #8

FIGUEIRA, T. R.; BARROS, M.H.; Camargo, A.A.; CASTILHO, R.F.; FERREIRA, J.C.; KOWALTOWKI, A.J.; SLUSE, F.E.; SOUZA-PINTO, N. C.; VERCESI, A.E. Com a produção científica: **Mitochondria as a source of reactive oxygen and nitrogen species: from molecular mechanisms to human health.**

Produção Científica do cluster #9

MELLO, Joana Carvalho Moreira de; ARAÚJO, Érica Sara Souza de; STABELLINI, Raquel; FRAGA, Ana Maria; SOUZA, Jorge Estefano Santana de; SUMITA, Denilce R.; Camargo, A.A.; Lygia V. Com a produção científica: **Random X Inactivation and Extensive Mosaicism in Human Placenta Revealed by Analysis of Allele-Specific Gene Expression along the X Chromosome.**

Produção Científica do cluster #10

SOUZA, S. J. de; STRANSKY, B.; CAMARGO, A. A. Com a produção científica: **Insights into gliomagenesis: systems biology unravels key pathways.**