

# IDÉIAS SOBRE GENES EM LIVROS DIDÁTICOS DE BIOLOGIA DO ENSINO MÉDIO PUBLICADOS NO BRASIL

## IDEAS ABOUT GENES IN BRAZILIAN HIGH SCHOOL BIOLOGY TEXTBOOKS

Vanessa Carvalho dos Santos<sup>1</sup>  
& Charbel Niño El-Hani<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Programa de Pós-Graduação em Ensino, Filosofia e História das Ciências (UFBA/UEFS),  
nessaoaks@yahoo.com.br

<sup>2</sup>Departamento de Biologia Geral/Instituto de Biologia, UFBA, Programa de Pós-Graduação em Ensino, Filosofia e História das Ciências (UFBA/UEFS), Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Biomonitoramento (UFBA),  
charbel.elhani@pesquisador.cnpq.br

### Resumo

Este artigo analisa o tratamento de conceitos de gene em livros didáticos de biologia do ensino médio brasileiros. Idéias sobre genes que foram largamente aceitas pela comunidade científica, como o conceito molecular clássico, de acordo com o qual o gene é um segmento de DNA que codifica um produto funcional (polipeptídeo ou RNA), têm sido desafiadas por uma série de achados (e.g., genes interrompidos, *splicing* alternativo, edição de RNAm etc.). Nossos resultados mostram que estas idéias são bastante utilizadas nos livros didáticos analisados, sem que anomalias e críticas sejam consideradas. Defendemos a necessidade de incluir na educação científica de nível médio uma abordagem mais rica, atualizada e epistemologicamente bem fundamentada dos conceitos de gene e dos fenômenos que desafiam idéias típicas a seu respeito. Para desenvolver essa sugestão, discutimos como os livros abordam o *splicing* alternativo, um dos desafios ao gene molecular clássico.

**Palavras-chave:** livros didáticos, ensino de biologia, gene, *splicing* alternativo, ensino médio.

### Abstract

This paper analyzes the treatment of gene concepts in Brazilian high school biology textbooks. Ideas about genes that were largely accepted by the scientific community, such as the classical molecular concept, according to which a gene is a stretch of DNA encoding a functional product (polypeptide or RNA), have been challenged by a series of findings (e.g. split genes, alternative splicing, mRNA edition, etc). Our results show that these ideas are widely used in the analyzed textbooks, without considering anomalies and criticisms. We advocate the necessity of including in high school science education a richer, updated and epistemologically well founded approach to the gene concepts and the phenomena challenging typical ideas about them. To expand on this suggestion, we discuss how the textbooks address alternative *splicing*, one of the challenges to the classical molecular gene.

**Keywords:** textbooks, biology teaching, gene, alternative *splicing*, high school.

### 1. INTRODUÇÃO

Os resultados da avaliação de livros didáticos de biologia no âmbito do Programa Nacional do Livro para o Ensino Médio (PNLEM), realizada em 2005 e 2006, mostraram a

existência tanto de avanços quanto de problemas persistentes na abordagem dos conteúdos em várias áreas da biologia, incluindo a genética e a biologia celular e molecular (El-Hani et al., 2007). Neste artigo, abordaremos em maiores detalhes um dos problemas conceituais encontrados pela equipe de Biologia do PNLEM/2007, relativo ao conceito de gene, com o intuito de trazer contribuições para uma abordagem mais rica, atualizada e epistemologicamente bem fundamentada do assunto no ensino médio. Com base nos resultados do PNLEM, tomamos como foco de investigação o ‘conceito molecular clássico’ e a ‘concepção informacional’ de gene, visto que aqueles resultados mostraram seu predomínio nos livros didáticos de biologia do ensino médio analisados. Além disso, entre os desafios ao gene molecular clássico, concentramos nossa atenção no processo de *splicing* alternativo, uma vez que este é um conteúdo já abordado em alguns livros de ensino médio.

Nas últimas três décadas, uma série de fenômenos colocou desafios importantes para o chamado ‘conceito molecular clássico’ de gene, de acordo com o qual um gene é um segmento de DNA que codifica um produto funcional (polipeptídeo ou RNA). Entre os desafios, encontramos a existência de genes interrompidos, o *splicing* alternativo de RNA, os transposons, os genes superpostos e nidados, a edição de RNA mensageiro (RNAm) etc. (ver, por exemplo, Fogle 1990, 2000; Falk 1986, 2000; Pardini & Guimarães 1992; Griffiths & Neumann-Held 1999; Keller 2000; Moss 2001, 2003; El-Hani 2005, 2007; El-Hani et al. 2006).

Dois desafios ao conceito molecular clássico merecerão especial atenção neste artigo, os genes interrompidos e uma de suas conseqüências, o *splicing* alternativo. Muitos genes encontrados em genomas eucarióticos são interrompidos, com seqüências codificantes – éxons – intercaladas com seqüências não-codificantes – íntrons –, o que requer um processo de retirada dos íntrons do transcrito primário e subsequente emenda de éxons num RNA mensageiro maduro, para que a síntese protéica seja possível. Esse processo, por si só, é suficiente para desafiar a relação de um para um entre a unidade de transcrição e um produto funcional, RNA ou polipeptídeo. Mas a situação se agrava ainda mais com a combinação diferencial de éxons, que possibilita que múltiplas proteínas relacionadas (isoformas) possam ser formadas a partir de um único gene (Black, 2003), a depender, por exemplo, do genótipo sexual, do estado de desenvolvimento/diferenciação celular, da idade da célula e/ou da ativação de uma via particular de sinalização celular. Pode-se dizer, assim, que fenômenos como a existência de genes interrompidos e o *splicing* alternativo tornam difícil sustentar a idéia geral de genes como unidades (sejam estruturais, funcionais ou informacionais), que é parte essencial do conceito molecular clássico (Fogle, 1990).

Fenômenos como o *splicing* alternativo requerem que as concepções de gene não se limitem ao simples esquema capturado em fórmulas como ‘um gene-uma proteína ou polipeptídeo’ (Falk, 1986; Fogle, 1990). E nem mesmo a reformulação para o esquema ‘um gene-várias proteínas ou polipeptídeos’ poderia acomodar suficientemente o desafio do *splicing* alternativo ao conceito molecular clássico. Além da perda de especificidade dos genes em relação aos polipeptídeos que serão produzidos, visto que padrões de *splicing* são determinados pelo contexto epigenético celular (Keller, 2000), não é possível esclarecer dessa maneira onde afinal estaria o gene. Se o gene estivesse, não no DNA, mas em cada RNAm emendado, adotando-se a fórmula ‘um RNA maduro-uma proteína’, também seria necessário acomodar o fato de que o próprio RNAm pode ser modificado (edição de RNA) e de que o transcrito final pode ser emendado a partir de éxons derivados de diferentes transcritos primários (*trans-splicing*). Se a intenção for manter uma relação de um para um entre gene e produto gênico, o RNAm também não será, assim, o local mais adequado para situar-se o gene. Além disso, genes existentes em RNAs existiriam no zigoto recém-formado apenas como possibilidades (Keller, 2000), e, desse modo, não teriam a permanência e a estabilidade atribuídas aos genes desde a origem do conceito. Estes genes demarcados no RNA não se encontrariam nos cromossomos e, muitas vezes, sequer no núcleo, visto que a versão final do transcrito pode ser concluída apenas

no citoplasma. Não poderíamos então eliminar do conceito de gene as idéias de estabilidade e permanência, ou de existência nos cromossomos ou no núcleo? A questão, então, seria a de se o conceito assim redefinido poderia cumprir os papéis explicativos que lhe cabem na genética e biologia celular e molecular. Apenas para ilustrar as dificuldades que seguiriam de tal redefinição, como poderíamos pensar nos genes como entidades que mediam a herança de características de uma geração a outra se eles não possuísem suficiente estabilidade e permanência, e existissem no zigoto apenas como possibilidades? Torna-se aparente que a tentativa de manter o conceito de gene como unidade poderia terminar, assim, tendo um preço alto demais, afastando nossa compreensão dos genes dos requisitos explicativos que nos fizeram construir tal conceito em primeiro lugar.

Nosso interesse recai, em particular, sobre a possibilidade de introduzir no ensino médio, mediante recontextualização didática, a explicação de fenômenos que desafiam o conceito molecular clássico, bem como os próprios debates sobre o conceito de gene. O foco sobre livros didáticos resulta do papel crucial que eles têm na formação de cientistas e professores de ciência, bem como no próprio ensino médio. Propomos que o tratamento dos sistemas biológicos em tais livros deve aproximar-se mais da complexidade dos sistemas genéticos, a fim de evitar interpretações equivocadas por parte dos estudantes, que poderão levar a equívocos persistentes em seu entendimento de idéias fundamentais para a construção de sua compreensão do conhecimento científico, bem como para o exercício de sua cidadania, como é o caso das visões deterministas sobre as relações entre genes e características fenotípicas. Estas interpretações equivocadas são fontes potencialmente importantes de simplificações excessivas das relações genótipo-fenótipo e da estrutura e dinâmica dos sistemas genômicos que encontramos nos discursos sobre genes em diferentes esferas de nossa sociedade.

Como ponto de partida, investigamos a frequência de ocorrência do ‘conceito molecular clássico’ de gene nos livros, bem como a frequência e o modo de abordagem de fenômenos que desafiam esse conceito, em particular, o *splicing* alternativo. Investigamos também o tratamento dos genes como unidades ou carreadores de informação, ou seja, a concepção ‘informacional’ do gene. O problema com esta concepção reside na natureza do discurso da informação na biologia, composto por uma série de metáforas à espera de uma teoria da informação biológica (ainda inexistente) que possa atribuir-lhes sentido preciso (Griffiths, 2001; Stotz et al., 2004; El-Hani et al., 2006). Sintomaticamente, o uso do conceito de ‘informação genética’ pode não estar sendo acompanhado, nos livros de ensino médio, por qualquer referencial teórico que lhe confira sentido preciso, sendo este mais um ponto a ser verificado.

## 2. MARCO TEÓRICO

A idéia da existência de uma unidade hereditária responsável pela transmissão e determinação de cada característica ou traço fenotípico de um organismo teve sua origem no conceito de ‘fator’ – o ‘**gene mendeliano**’ –, empregado por Mendel como um conceito abstrato de natureza instrumental, uma unidade de cálculo para expressar a regularidade da transmissão de caracteres fenotípicos em cruzamentos, sem uma hipótese sobre possíveis entidades materiais, reais que corresponderiam a eles (Falk, 1986). Nos primeiros anos de construção da genética clássica, não havia ainda uma distinção clara entre o caráter manifesto (o fenótipo) e o potencial herdado de apresentar o caráter (genótipo). Essa distinção foi feita pelo geneticista dinamarquês W. L. Johannsen, em 1908, o que o levou, então, a propor, em 1909, um termo para designar as unidades que constituiriam o genótipo, ‘gene’. Os genes de Johannsen ainda eram entendidos, contudo, como construtos instrumentais. Com o estabelecimento da teoria cromossômica da herança pelo grupo de T. H. Morgan, em 1911, prevaleceu uma compreensão sobre genes que corresponde ao que Gericke e Hagberg (no prelo) denominam o ‘**gene clássico**’, não mais entendido como um construto instrumental, mas como uma entidade real, uma partícula

indivisível no cromossomo, no qual genes estariam organizados como as contas de um colar. Não se conhecia, contudo, a estrutura molecular dos genes, dos quais se tinha apenas a vaga noção de que fossem ou atuassem como enzimas na determinação de um traço.

Na genética clássica, o gene foi entendido inicialmente como uma unidade de função, mutação e recombinação (Mayr, 1982). Mas foi eventualmente demonstrado que genes não são unidades nem de recombinação nem de mutação. Assim, terminou por prevalecer a idéia de que o gene seria uma unidade de função. Inicialmente, os resultados da bioquímica apontavam para o **‘gene bioquímico-clássico’** que poderia ter sua função explicada por sua redução à conexão entre um traço fenotípico e uma enzima específica produzida pelo gene. A compreensão de que nem todos os produtos gênicos são enzimas levou à reformulação para ‘um gene-uma proteína’ e, depois, ‘um gene-um polipeptídeo’, quando se descobriu proteínas constituídas por várias cadeias polipeptídicas, codificadas por genes distintos. A compreensão de que RNAs também podem ser produtos gênicos levou, enfim, ao esquema ‘um gene-um polipeptídeo ou RNA’. A idéia de unidade foi preservada em todos esses esquemas e foi subsequente reforçada pelo modelo de estrutura do DNA proposto por Watson e Crick, em 1953. Este modelo estabeleceu com vigor uma visão realista sobre genes. Estavam colocadas as bases para a definição de genes a partir de estruturas moleculares, e não a partir de traços fenotípicos, bem como para a construção do conceito molecular clássico de gene.

O **conceito molecular clássico** sobrepõe a idéia mendeliana de unidade hereditária ao modelo molecular de gene (Fogle, 1990), configurando-se, assim, como um modelo híbrido, no sentido de que mistura duas concepções distintas sobre genes. De acordo com ele, o gene é um segmento contínuo cuja seqüência de bases codificantes não sofre interrupções; discreto, por ser uma unidade individual que não se sobrepõe a outros genes; com começo e fim bem definidos; e localização constante. Neste modelo, genes são considerados unidades de estrutura – pelas características descritas acima –, de função – por produzirem um único polipeptídeo ou um único RNA, que, por sua vez, teria uma função única –, e, a partir da incorporação do discurso da informação à biologia, também de informação. O conceito molecular clássico e a **concepção informacional de gene** são freqüentemente sobrepostos no discurso sobre genes. Genes são tipicamente vistos como portadores de informação, em sua seqüência de bases, para produzir um polipeptídeo ou RNA.

O discurso da informação genética favorece, como argumenta Moss (2001, 2003), a mistura indiscriminada de dois conceitos diferentes de gene, **gene-P** (‘p’ de preformacionista) e **gene-D** (‘d’ de desenvolvimento). O gene-P corresponde ao entendimento do gene como determinante de fenótipos ou diferenças fenotípicas. Trata-se de um gene definido a partir do fenótipo, sem importar a seqüência de DNA à qual ele corresponde. Trata-se de um construto instrumental, de natureza clássica, que tem um papel importante em alguns procedimentos da genética, como, por exemplo, a análise de heredogramas, em que falamos de gene para cor do olho azul, para pele albina etc. O gene-D, por sua vez, é um recurso para o desenvolvimento), lado a lado com muitos outros recursos igualmente importantes para a produção de um fenótipo. Pode-se dizer, portanto, que ele é indeterminado quanto ao fenótipo, por sua paridade causal com outras biomoléculas como proteínas, RNAs, oligossacarídeos etc. Uma das fontes do determinismo genético é, para Moss, a confusão entre gene-P e gene-D. A sobreposição entre gene-P e gene-D está relacionada à visão do DNA como um programa para o desenvolvimento, em que a informação para a construção de um organismo estaria armazenada na seqüência de bases do DNA. Entendidos dessa forma, os genes continuam a ser vistos como causas determinantes principais ou mesmo únicas do desenvolvimento, não importa quanta evidência exista contra essa idéia (Atlan & Koppel, 1990; Sterelny & Griffiths, 1999; Oyama, 2000; Keller, 2000; Oyama et al., 2001; Moss, 2003; Neumann-Held & Rehmann-Sutter, 2006).

### 3. METODOLOGIA

Investigamos a mesma amostra de 18 livros didáticos de Biologia analisados pela equipe de Biologia do PNLEM/2007. Os resultados aqui relatados não são parte, contudo, daquela análise. Todos os capítulos dos livros foram analisados com base em técnicas de análise de conteúdo (Bardin, 2000). As obras foram analisadas qualitativamente, com base na literatura histórica e filosófica sobre o conceito de gene, e quantitativamente, pela categorização e enumeração dos extratos de acordo com a frequência de aparição de concepções significativas (ou seja, categorias, *sensu* Bardin, 2000). Optamos pelo recorte de unidades de significação complexas, os temas. Diferente do recorte de palavras ou frases precisas, o recorte de temas é de ordem psicológica, sendo, geralmente, utilizado para estudar motivações de opiniões, de atitudes, valores, crenças e tendências (Bardin, 2000), e, portanto, é mais pertinente à nossa presente investigação dos valores que, juntamente com conhecimentos e práticas, influenciam a transposição didática dos sistemas genéticos. Nossos temas consistem de excertos onde os autores exprimem idéias a respeito de unidades perceptíveis como as palavras ‘gene’ e ‘DNA’.

As seguintes categorias – informadas pela literatura histórica e filosófica sobre conceitos de gene - foram usadas na análise das idéias sobre genes apresentadas pelos livros didáticos: ‘gene molecular clássico’; ‘gene informacional’; ‘gene-P’ e ‘gene-D’ (ambos *sensu* Moss, 2001, 2003); ‘gene mendeliano’, ‘gene clássico’ e ‘gene bioquímico-clássico’ (*sensu* Gericke e Hagberg, no prelo). Estas categorias foram explicadas acima, podendo ser identificadas pelos termos em negrito. Num protocolo elaborado para cada livro, catalogamos os excertos que poderiam conter: conceitos de gene e idéias sobre função gênica; citações de diferentes tipos de seqüências de DNA; citações de desafios ao conceito molecular clássico, sobretudo, o *splicing* alternativo; reconhecimento das dificuldades trazidas por esses desafios; o conceito de informação genética; metáforas e analogias sobre gene e DNA.

#### 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Pode-se observar na Figura 1 que o conceito de gene-P se mostrou prevalente em 16 das 18 obras analisadas. A alta frequência desse conceito se deve, em grande parte, ao conteúdo extenso dos capítulos de genética, sobretudo de genética clássica, em que aparecem muitos exemplos de análises de genealogias/heredogramas e de probabilidades de herança de fenótipos. As ocorrências do conceito de gene-P podem ser exemplificadas pelo seguinte excerto:

“[...] Para desenvolvê-la, a pessoa precisa ter as duas cópias do gene para fibrose cística alteradas, tanto a proveniente da mãe quanto a proveniente do pai” (Amabis & Martho, 2005, Vol. 1, p. 116).

O conceito molecular clássico foi o segundo mais frequente em 16 das 18 obras (Figura 1). Esse resultado pode ser considerado até mesmo mais relevante do que a predominância do gene-P, uma vez que o gene molecular clássico permeia o conteúdo de biologia das três séries do ensino médio e seu número de ocorrências é relativamente elevado em todos os contextos em que genes são discutidos, e não apenas em trechos que tratam de procedimentos específicos da pesquisa genética. Além disso, na maioria das vezes em que genes são definidos explicitamente pelos livros didáticos, o conceito molecular clássico é empregado. A seguinte passagem oferece um exemplo de ocorrência do gene molecular clássico:

“Um gene corresponde à porção da molécula de DNA capaz de codificar a síntese de uma proteína. De acordo com a seqüência de bases nitrogenadas que possui nos nucleotídeos que o constituem, o gene determina a seqüência de aminoácidos na molécula protéica produzida” (Paulino, 2005, Vol. 1, p. 81).

A Figura 1 também mostra que a frequência da concepção informacional de gene é elevada na maioria dos livros analisados, chegando a aparecer como a idéia mais prevalente em dois deles. Não obstante, apenas cinco das 18 obras definem ‘informação genética’, limitando-se

à idéia de que esta corresponde à seqüência de nucleotídeos em moléculas de DNA que codificam polipeptídeos ou RNAs. Não é claro, contudo, que a informação nos sistemas genéticos possa ser reduzida a seqüências de substâncias químicas. Ela pode ser entendida, antes, como o processo por meio do qual genes têm efeitos sobre os sistemas celulares que os interpretam, como propõem El-Hani, Queiroz e Emmeche (2006). Em todas as obras, a informação nos sistemas biológicos é restrita aos genes e/ou DNA, não se reconhecendo a possibilidade de outras estruturas celulares serem consideradas 'informacionais' (cf. Keller, 2000). O gene molecular clássico, o gene informacional e o gene-P apareceram, em 30-45% do total de ocorrências dessas três categorias, superpostos nas mesmas passagens, como ilustrado a seguir:

“O núcleo das células contém filamentos chamados cromossomos, que possuem genes com todas as informações. Há genes para a cor dos olhos e da pele; para a produção de hormônios e de enzimas do aparelho digestório; até mesmo para produzir as substâncias químicas que dão origem ao impulso nervoso [...] Os genes são compostos em média, por mil pares de nucleotídeos que aparecem em uma seqüência específica na molécula de DNA” (Coimbra, 2005, Vol. 2, p. 86).

O entendimento da relação genótipo-fenótipo presente nesta passagem está intimamente relacionado com a compreensão do DNA como um 'programa para o desenvolvimento', no qual toda a instrução para construir um ser vivo estaria depositada. Conforme El-Hani, Queiroz e Emmeche (2005), quando a informação é concebida dessa forma, o “DNA se torna um tipo de reservatório do qual toda 'informação' numa célula flui e ao qual ela deve ser, em última análise, reduzida” (p. 4). Este modo de compreender o desenvolvimento foi objeto de muitas críticas (e.g., Oyama, 2000; Nijhout, 1990; Sarkar, 1996; El-Hani, 1997; Keller, 2000) e é uma das fontes mais importantes das visões deterministas genéticas. Ela está presente, contudo, em 12 livros didáticos analisados, como o seguinte trecho ilustra:

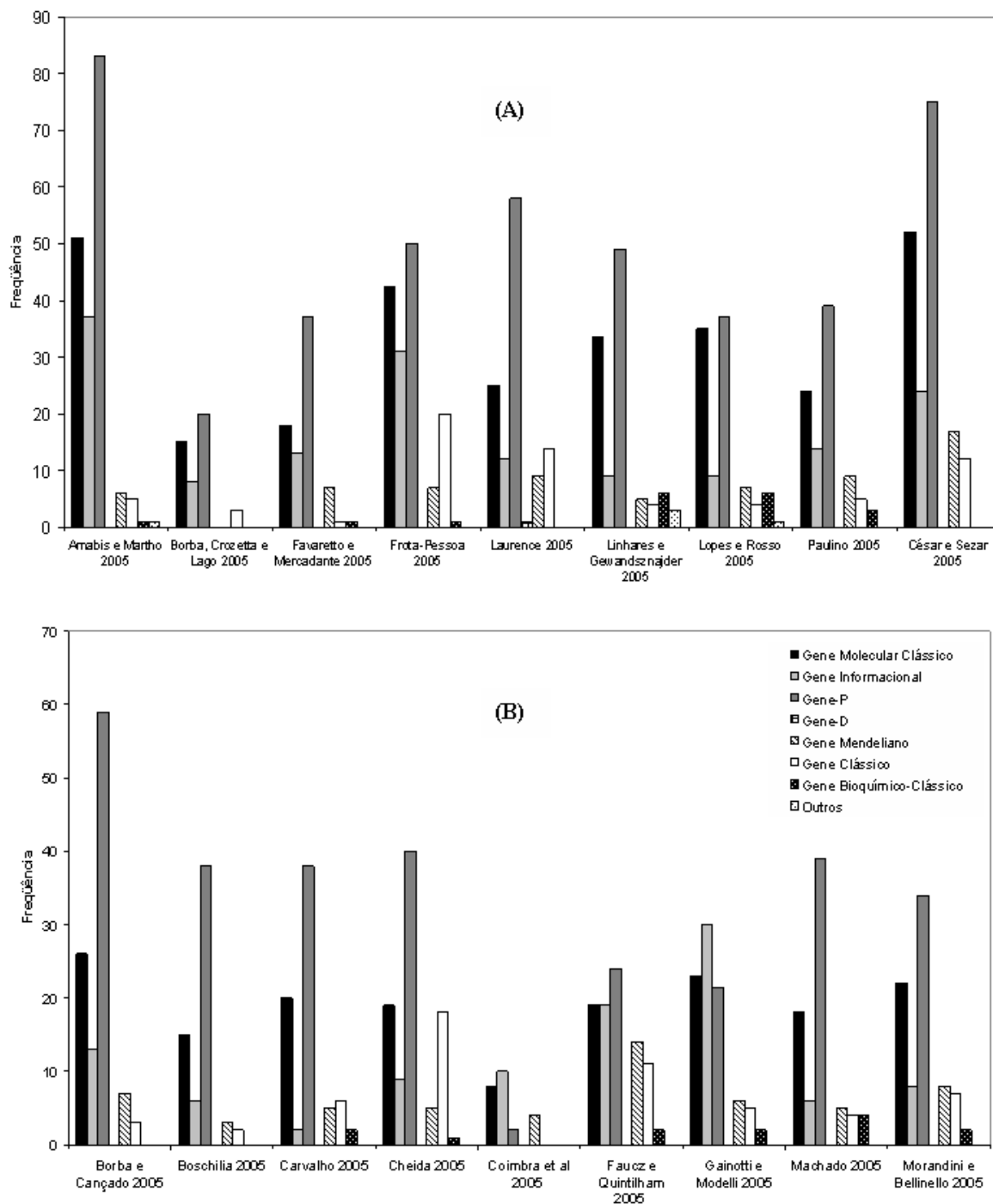
“A estrutura conhecida como **gene** corresponde a um segmento ou pedaço da molécula de DNA... Nos genes estão as informações responsáveis pelas características do indivíduo, como a cor dos olhos, a cor dos cabelos, a forma do nariz e, no caso de uma aranha, até mesmo o tipo de teia que ela tece para capturar suas presas. Desse modo, o DNA funciona à semelhança de um programa de computador e o organismo corresponderia a um computador que trabalhasse segundo as ordens do DNA” (Linhares e Gewandsznajder, 2005, p. 14).

Em uma das obras (Paulino, 2005), a metáfora do DNA como programa chega a ser descrita como poética e realística numa questão de vestibular que cita sem datar, Dawkins:

“Está chovendo DNA lá fora. Estão chovendo instruções lá fora; estão chovendo programas para a formação de novas árvores' (Dawkins, citado por Paulino, 2005, Vol. 1, p. 87).

Os genes mendeliano, clássico e bioquímico-clássico foram menos freqüentes e, em geral, apareceram no contexto de descrições da história da biologia. Em 27% da freqüência do gene molecular clássico, este é sobreposto ao gene mendeliano, quando o primeiro é descrito como unidade hereditária. Um exemplo é encontrado na seguinte passagem:

“Genes são apenas segmentos de DNA. Porém, são segmentos bem específicos que controlam as estruturas e funções celulares. Eles são considerados a unidade funcional da herança biológica; são a seqüência de bases que usualmente codificam para uma seqüência de aminoácidos (Faucz e Quintilham, 2005, Vol. 3, p. 15).



**Figura 1. Frequência de conceitos de gene nas obras de biologia de ensino médio analisadas. (A) Obras recomendadas e (B) obras excluídas, na avaliação do PNLEM.**

Similarmente, há exemplos (10%) de gene molecular clássico sobreposto ao gene clássico, quando genes são definidos como segmentos de DNA que se organizam em série como as contas de um colar, como partículas que se enfileiram nos cromossomos – o que também traz implícita a idéia mendeliana de unidade. Como exemplo, pode ser citado o seguinte trecho:

“Os genes estão enfileirados nos cromossomos como as contas de um colar [...] se dois ou mais pares de alelos estão em um mesmo par de cromossomos homólogos,

tendem a permanecer unidos e seguir para a mesma célula-filha” (Favaretto e Mercadante, 2005, p. 143).

Idéias sobre função gênica aparecem em diferentes contextos dentro das obras analisadas. Nos glossários, as informações sobre genes são sucintas e, em geral, o gene é descrito como segmento de DNA com informação para uma proteína e, menos freqüentemente, com informação para um traço. Nos capítulos de introdução à biologia, à origem e à diversidade da vida, predomina fortemente o gene informacional, enquanto a idéia de gene como segmento de DNA que codifica um produto funcional também é abordada, mas de maneira secundária. Os contextos em que são tratados conteúdos de biologia celular e molecular trazem maior sobreposição entre o gene molecular clássico e a concepção informacional, e a menor ocorrência de visões deterministas sobre a etiologia dos traços. Nestes contextos, são enfatizados, de maneira causal e mecanicista, os processos que resultam na transcrição de RNAs e tradução de polipeptídeos. Quando conteúdos de genética são abordados, é elevado o número de ocorrências de definições do gene como ‘segmento de DNA com informação para um traço fenotípico’, o que mostra a prevalência do determinismo genético neste contexto. Trata-se, contudo, do contexto em que o conceito de gene-P é mais freqüente. Mas este é também o contexto em que fatores não-genéticos passam a ser considerados, aplicando-se a fórmula ‘entidades ambientais + entidades genéticas resultam num traço/produto/função’. Isso mostra como este modo de reconhecer o papel do ambiente, por privilegiar a compreensão da relação genes-ambiente de maneira aditiva, não é suficiente para que se deixe de lado o determinismo genético (cf. El-Hani, 1995).

A abordagem de desafios ao conceito molecular clássico nas obras analisadas mostrou as seguintes freqüências: DNA não-codificante (10 obras); genes interrompidos e *splicing* (9); ‘DNA lixo’ (7); seqüências regulatórias, principalmente promotores (5); genes repetidos (5); genes dentro de genes (*nested genes*) e superpostos (3); *splicing* alternativo (3); edição de RNA e transposons (1). Um ponto que merece destaque é o uso da expressão ‘DNA lixo’ para descrever seqüências de DNA não-codificante, uma vez que esta expressão não é apropriada, por se tratar de uma metáfora que negligencia e desvaloriza qualquer outro tipo de função que as seqüências de DNA possam ter, sobretudo funções regulatórias, que têm sido detectadas com freqüência cada vez maior em regiões não-codificantes. Um aspecto positivo, entretanto, é que, das sete obras que utilizam esta expressão, quatro vão além da afirmação de que se trata de seqüências de DNA que ‘não correspondem a genes’ e ‘sem função’, e reconhecem a inadequação desse termo, como a seguinte passagem exemplifica:

“Cerca de 95% do DNA das células humanas é chamado de ‘DNA-lixo’, pois suas seqüências não correspondem a genes. No entanto, esse termo pode passar a impressão de que a maior parte do DNA humano não tem função; o mais correto seria afirmar que os cientistas não compreendem completamente sua função” (Laurence, 2005, p. 654).

Enquanto a maioria dos desafios ao gene molecular clássico é mencionada de forma sucinta pelos livros, o processo de *splicing* é o que apresenta, relativamente, a melhor descrição, incluindo desde a explicação do que são éxons e íntrons, as implicações da presença de íntrons para a síntese protéica, até a excisão de íntrons e emenda de éxons no processamento de RNA. Metade das obras analisadas (9) tratam dos genes interrompidos. Contudo, apenas três abordam o *splicing* alternativo e somente duas destas discutem suas implicações para a compreensão do que são genes. Para facilitar a transposição didática do tema, alguns autores recorrem a metáforas informacionais, como o seguinte trecho ilustra:

“Portanto, o que comanda a síntese da proteína é a mensagem codificada no RNA, depois da exclusão dos íntrons, e não a do DNA. É como se mandássemos um artigo para um jornal, traduzido do inglês para o português, com vários pedaços de



letras embaralhadas, que não fazem sentido, entremeadas ao texto correto, obrigando o redator a cortar os trechos incompreensíveis (íntrons) e colar, em ordem, os outros trechos (exons), notando que a continuidade não foi prejudicada” (Frota-Pessoa, 2005, Vol. 3, p. 36).

Uma das abordagens mais completas é encontrada em Amabis e Martho (2005). Os autores se referem à inexistência de “[...] colinearidade entre as cadeias polipeptídicas e os segmentos de DNA que as codificam” e comentam que “a instrução para a síntese de proteínas nos genes eucarióticos é geralmente interrompida por trechos da molécula que não codificam aminoácidos” (p. 144). Citam a origem dos termos ‘éxon’ e ‘íntron’, utilizam o termo ‘*splicing*’, mas apresentam tradução como ‘emenda e corte’, citam que a molécula de RNA recém-sintetizada sofre uma série de modificações até ser transformada no RNAm, mas que a remoção dos íntrons é a mais importante. Citam até mesmo o complexo enzimático que catalisa o *splicing* (spliceossomo) e descrevem sucintamente as etapas por meio das quais esse complexo se liga ao RNA e remove os íntrons. Por fim, introduzem o *splicing* alternativo, colocando a questão sobre a vantagem evolutiva da presença de íntrons (pp. 144-147). Além disso, comentam as implicações desse fenômeno para nossa compreensão do que são genes (ver abaixo).

Consideramos satisfatória a abordagem de genes interrompidos e do *splicing* em seis das nove obras recomendadas na avaliação do PNLEM. Contudo, a abordagem do *splicing* alternativo e, sobretudo, o reconhecimento desse processo como um desafio crucial (ver Santos, 2005; El-Hani, 2005, 2007; Solha, 2005) à idéia geral de unidade – seja estrutural, funcional ou informacional - implícita no conceito molecular clássico de gene parece ainda incipiente (Tabela 4), uma vez que aparece em apenas dois livros. Uma das obras aborda o *splicing* alternativo da seguinte forma:

“[...] hoje há vários indícios de que, em alguns casos, um mesmo gene, trabalhando em células diferentes, é capaz de produzir mais de um tipo de proteína [...] pelo fato de existir mais de uma forma de cortar o mesmo pré-RNA, o que resultaria, em cada caso, em segmentos diferentes utilizados como éxons” (Silva Júnior e Sasson, 2005, Vol. 1, p. 262).

Considerando que esses autores caracterizam gene como um “Segmento da molécula de DNA, no qual está codificada uma característica hereditária” (Glossário, Vol. 1, p. 393) e não mencionam a existência de controvérsias sobre o estatuto dos genes ao fazerem alusão ao *splicing* alternativo, pode-se afirmar que eles conciliam o desafio trazido por esse fenômeno com a idéia de unidade no DNA, em última análise, assimilando o *splicing* alternativo, de tal maneira que ele termina por não suscitar qualquer questionamento quanto ao modo como eles explicam os genes e sua relação com o fenótipo. Os outros dois livros que tratam do *splicing* alternativo, colocam em questão a compreensão dos genes a partir do exame desse fenômeno:

“Com o seqüenciamento do genoma humano, os pesquisadores encontraram, no entanto, evidências de que o DNA funciona de maneira mais complexa do que se imagina. Um único gene pode, por exemplo, produzir três tipos diferentes de RNAm, cada um codificando a produção de uma proteína diferente. É como se existissem genes dentro de genes! Além disso, uma mesma molécula de RNAm pode sofrer alterações após a transcrição, também resultando em proteínas diferentes” (Laurence, 2005, p. 656).

“Os cientistas descobriram que uma mesma molécula de pré-RNA mensageiro pode sofrer tipos diferentes de *splicing* em diferentes tipos celulares. Em outras palavras, nos diferentes tipos de células pode haver diferentes tipos de segmentos eliminados, de modo que o mesmo pré-RNA mensageiro é cortado e montado de

diferentes maneiras, dependendo do tipo de célula. Esse fenômeno é chamado de splicing alternativo” (Amabis e Martho, 2005, p. 147).

Amabis e Martho (2005, p. 148) afirmam ainda que mais de 60% dos genes humanos apresentam splicing alternativo e que esta seria a causa da ‘disparidade’ entre seu genoma e proteoma. O gene DSCAM de drosófila é citado por eles como um dos casos mais notáveis de splicing alternativo, onde a combinação diferencial de 115 éxons possibilita a produção de milhares de proteínas. Por fim, apresentam um texto extraído de ‘O século do gene’, de Evelyn Fox-Keller (2002), que coloca explicitamente o problema do conceito de gene entendido como unidade de estrutura e função e discute genes interrompidos, seqüências repetitivas de DNA, genes superpostos, DNA críptico, transcrição reversa, genes nidados e promotores múltiplos. Além disso, trata-se de um texto que chega a propor que talvez o termo ‘gene’ deva ser abandonado, cunhando-se novas palavras para desempenhar papéis dos quais aquele termo tem sido incumbido<sup>1</sup>.

## 7. Considerações Finais

Em nossa análise de 18 livros didáticos de biologia do ensino médio, foi possível verificar que, ao privilegiarem determinados aspectos dos fenômenos de transmissão do material genético e função gênica, os autores estão, ao mesmo tempo, negando ou silenciando muitos outros. Como ressaltam Nascimento e Martins (2005), o que ‘não é dito’ é altamente relevante, como elemento de análise do discurso, ou seja, trata-se de um silêncio com significado, não se limitando às palavras enunciadas o papel de condicionar a atribuição de sentidos pelos sujeitos que interagem discursivamente. Dito de outra maneira, quando não dizemos certas coisas, também estamos influenciando o processo de atribuição de significado de nossos interlocutores. Na maioria dos livros analisados, o reconhecimento de que alguns fenômenos que são discutidos por eles correspondem a desafios ao gene molecular clássico constitui uma ausência notável. O mesmo pode ser dito do próprio reconhecimento da existência de debates sobre genes, ou da ausência de referência à importância do contexto intracelular e extracelular, e de processos de sinalização celular, para a compreensão da função gênica. Não nos parece que esses aspectos não possam ser recontextualizados como parte do conhecimento escolar do ensino médio, como sugere, inclusive, a existência de livros que o fazem na amostra analisada.

Prevaleram as explicações de genes no DNA com informação para um fenótipo e as funções gênicas de produzir um polipeptídeo ou RNA e determinar características dos organismos. Pitombo et al. (2007), analisando idéias sobre genes em livros texto do ensino superior, encontraram resultados semelhantes, o que indica, de um lado, uma possível fonte, nos livros do ensino médio, das idéias dominantes sobre gene e, de outro, que os problemas entrados em nossa análise também aparecem no ensino superior. Há, portanto, necessidade de recontextualização didática dos debates sobre genes tanto no nível médio quanto no nível superior de ensino. Outro achado importante reside na prevalência, nos livros analisados, da visão do DNA como o reservatório de toda a informação para construir um organismo, conforme expressa, por exemplo, nas metáforas do programa genético ou do DNA como ‘livro da vida’.

Como discute Oyama (2000), não se deve diminuir a importância da conexão entre esse modo usual de explicar a noção de ‘informação genética’ e o determinismo. Ela argumenta que o determinismo genético é inerente à maneira como representamos genes e sua função em sistemas biológicos. Na visão dessa filósofa da biologia, enquanto genes forem representados como se carregassem informação sobre como um organismo se desenvolverá, eles continuarão a ser vistos como causas determinantes dos próprios organismos e de suas características, não importa quanta evidência exista contra essa idéia. Em oposição ao determinismo genético, Oyama propôs

---

<sup>1</sup> Em artigo posterior, Fox Keller (2005) não se comprometa com a idéia de que o termo ‘gene’ deveria ser abandonado.

sua 'teoria dos sistemas de desenvolvimento', na qual a paridade causal entre genes e outros recursos desenvolvimentais é um dos postulados básicos (Oyama, 2000; Oyama et al., 2001). Essa perspectiva busca destacar um elemento que estaria ausente nas explicações deterministas da relação genótipo-fenótipo, a saber, o desenvolvimento, ao longo do qual genes, organismos e ambientes interagem uns com os outros de tal maneira que cada um deles é tanto causa quanto efeito, de uma maneira complexa (Lewontin, 1983, 2000). Nosso desafio é, então, caracterizar genes, sua relação com DNA, seu modo de ação, sua regulação e sua relação com o fenótipo de maneira a aproximar o conhecimento escolar sobre genética e biologia celular e molecular de um modo de compreensão que vem se tornando dominante na comunidade científica que se ocupa dessas áreas, no qual a complexidade da estrutura e dinâmica dos genomas tem sido a tônica, bem como a complexidade dos processos de desenvolvimento e de constituição de características fenotípicas.

## REFERÊNCIAS

- Atlan, H., & Koppel, M. The cellular computer DNA: Program or data? **Bulletin of Mathematical Biology**, 52, (3), 335-348, Maio, 1990.
- Bardin, L. **Análise de conteúdo**. Lisboa: Edições 70, 2000.
- Black, D. L. Mechanisms of alternative pre-messenger RNA splicing. **Annual Review of Biochemistry**, 72, 291-336, Jul., 2003.
- El-Hani, C. N. **O Insustentável Peso dos Genes: A Persistência do Determinismo Genético na Mídia e na Literatura Científica**. Salvador: FAGED. Dissertação de Mestrado em Educação. 1995.
- El-Hani, C. N. Controvérsias sobre o Conceito de Gene e suas Implicações para o Ensino de Genética. **Atas do V Encontro de Pesquisa em Educação em Ciências**, 2005.
- El-Hani, C. N. Between the cross and the sword: the crisis of the gene concept. **Genetics and Molecular Biology**, 30, (2), 297-307, Mar, 2007.
- El-Hani, C. N., Queiroz, J., & Emmeche, C. A semiotic analysis of the genetic information system. **Semiotica**, 160, (1/4), 1-68, 2006.
- EL-Hani, C. N.; Roque, N.; Vanzela, A. L.; Souza, A. F.L.; Marques, A. C.; Viana, B. F.; Kawasaki, C. S.; Leme, C. L. D.; Faria, D.; Meyer, D.; Omena, E.; Oliveira, E. S.; Assis, J. G. A.; Fregoneze, J.; Queiroz, L. P.; Carvalho, L. M.; Napoli, M.; Cardoso, M. Z.; Silveira, N. A.; Horta, P. A.; Sano, P. T.; Zucoloto, R. B.; Tidon, R.; Silva, S. A.; Rosa, V. L. & Rocha, P. L. B. (Equipe de avaliação de Biologia, Programa Nacional do Livro para o Ensino Médio, Brazil). Brazilian High School Biology Textbooks: Main Conceptual Problems in Genetics and Cell & Molecular Biology In: **Proceedings of the IOSTE International Meeting on Critical Analysis of School Science Textbooks**. Tunis: University of Tunis, 494 – 504, 2007.
- Falk, R. What is a gene? **Studies in the History and Philosophy of Science**, 17, 133-173, 1986.
- Falk, R. The gene – A concept in tension. In: Beurton, P; Falk, R. & Rheinberger, H-J. (Eds.). **The concept of the gene in development and evolution**. Cambridge-UK: Cambridge University Press, 2000. pp. 317-348.
- Fogle, T. Are genes units of inheritance? **Biology and Philosophy**, 5, 349-371, 1990.
- Fogle, T. The dissolution of protein coding genes. In: Beurton, P; Falk, R. & Rheinberger, H-J. (Eds.). **The concept of the gene in development and evolution**. Cambridge-UK: Cambridge University Press, 2000. pp. 3-25.
- Gericke, N. & Hagberg, M. Definiton of Historical Models of Gene Function and their Relation to Students' Understandings of Genetics. **Science & Education**, no prelo.
- Griffiths, P. E. Genetic information: A metaphor in search of a theory. **Philosophy of Science**, 68, 394-403, 2001.

- Griffiths, P. E., & Neumann-Held, E. The many faces of the gene. **BioScience**, 49, 656-662, 1999.
- Keller, E. F. **The century of the gene**. Cambridge-MA: Harvard University Press, 2000.
- Keller, E. F. The century beyond the gene. **Journal of Biosciences** 30, 3-10, 2005.
- Mayr, E. **The Growth of Biological Thought: Diversity, Evolution, and Inheritance**. Cambridge-MA: Harvard University Press, 1982.
- Moss, L. Deconstructing the gene and reconstructing molecular developmental systems. In: S. Oyama, S.; Griffiths, P. E. & Gray, R. D. (Eds.). **Cycles of contingency: Developmental systems and evolution**. Cambridge-MA: MIT Press, 2001. pp. 85-97.
- Moss, L. **What genes can't do**. Cambridge-MA: MIT Press, 2003.
- Nascimento, T. G. ; Martins, I. . O texto de genética no livro didático de ciências: uma análise retórica crítica. **Investigações em Ensino de Ciências** (Online), 10, 1-21, 2005.
- Neumann-Held, E., & Rehmann-Sutter, C. **Genes in development**. Durham: Duke University Press, 2006.
- Pardini, M. I. M. C., & Guimarães, R. C. A systemic concept of the gene. **Revista Brasileira de Genética**, 15, 713-721, 1992.
- Pitombo, M.A., Almeida, A.M.R. & El-Hani, C.N. Conceitos de gene e idéias sobre função gênica em livros didáticos de biologia celular e molecular do ensino superior. **Contexto e Educação**, no prelo.
- Oyama, S. **The ontogeny of information: Developmental systems and evolution**. (2<sup>nd</sup> Ed.). Cambridge-UK: Cambridge University Press, 2000.
- Oyama, S., Griffiths, P. E., & Gray, R. D. (Eds.). **Cycles of contingency: Developmental systems and evolution**. Cambridge-MA: MIT Press, 2001.
- Sterelny, K. & Griffiths, P. E. **Sex and death: An introduction to the philosophy of biology**. Chicago: The University of Chicago Press, 1999.
- Stotz, K., Griffiths, P. E., & Knight, R. How biologists conceptualize genes: An empirical study. **Studies in the History and Philosophy of Biological & Biomedical Sciences**, 35, 647-673, 2004.

#### **Lista dos livros didáticos analisados**

- Amabis, J. M. & Martho, G. R.. *Biologia*. São Paulo: Moderna, 2005.
- Borba, A.A., & Cançado, O.F.L. *Biologia*. Curitiba: Positivo, 2005.
- Borba, A.A., Crozetta, M.A.S.; & Lago, S.R. *Biologia*. São Paulo: IBEP, 2005.
- Boschilia, C. *Biologia sem segredos*. São Paulo: RIDEEL, 2005.
- Carvalho, W. *Biologia em foco*. São Paulo: FTD, 2005.
- Cheida, L.E. *Biologia integrada*. São Paulo: FTD, 2005.
- Coimbra, M.A.C., Rubio, P.C., Corazzini, R., Rodrigues, RN.C., Waldhelm, M.C.V. *Biologia – Projeto escola e cidadania para todos*. São Paulo: Editora do Brasil, 2005.
- Faucz, F.R., & Quintilham, C.T. *Biologia: Caminho da vida*. Curitiba: Base, 2005.
- Favaretto, J. A. & Mercadante, C. *Biologia*. São Paulo: Moderna, 2005.
- Frota-Pessoa, O. *Biologia*. São Paulo: Scipione, 2005.
- Gainotti, A., & Modelli, A. *Biologia*. São Paulo: Scipione, 2005.
- Laurence, J. *Biologia*. São Paulo: Nova Geração, 2005.
- Linhares, S. & Gewandsznajder, F. *Biologia*. São Paulo: Ática, 2005.
- Lopes, S. & Rosso, S. *Biologia*. São Paulo: Saraiva, 2005.
- Machado, S.W.S. *Biologia*. São Paulo: Scipione, 2005.
- Morandini, C., & Bellinello, L.C. *Biologia*. São Paulo: Atual, 2005.
- Paulino, W. R. *Biologia*. São Paulo: Ática, 2005.
- Silva Júnior, César, & Sasson, Sezar. *Biologia*. São Paulo: Saraiva, 2005.