

# CONCEPÇÕES DE ESTUDANTES DE GRADUAÇÃO DE BIOLOGIA DA UFPR E UFBA SOBRE GENES E SUA MUDANÇA PELO ENSINO DE GENÉTICA

Leyla Mariane Joaquim<sup>1</sup>

Vanessa Carvalho dos Santos<sup>1</sup>, Ana Maria Rocha de Almeida<sup>2</sup>, João Carlos Magalhães<sup>4</sup>, Charbel Niño El-Hani<sup>3</sup>,

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

<sup>2</sup>Instituto de Biologia, UFBA. E-mail: anagaivota@gmail.com

<sup>3</sup>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. E-mail: charbel.elhani@pesquisador.cnpq.br

<sup>4</sup>Setor de Ciências Biológicas, Departamento de Genética, UFPR. E-mail: jcmm@ufpr.br

**Resumo.** O conceito de gene é um importante tópico de debates na filosofia da biologia atual e, mais recentemente, na própria biologia. Os debates sobre o conceito de gene na literatura filosófica e biológica têm implicações importantes para o Ensino de Genética. Este trabalho trata das concepções de estudantes de graduação de Biologia de duas universidades brasileiras (UFPR e UFBA) sobre genes e investiga a contribuição do ensino de Genética para a promoção de mudanças destas concepções. Os resultados obtidos apontam que o 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) – prevalece entre os alunos investigados de ambas as universidades. As principais mudanças observadas, após o ensino de Genética, foram o aumento da frequência da concepção molecular clássica entre os estudantes da UFPR e a diminuição de concepções informacionais entre os estudantes da UFBA.

**Palavras chaves:** Gene, Conceito molecular clássico, Ensino de Genética, Ensino superior.

**Abstract.** The gene concept is an important topic in current debates in philosophy of biology, and, more recently, in biology itself. The debates about the gene concept in philosophical and biological literature have important implications for the teaching of Genetics. This paper addresses the conceptions of Biology majors in two Brazilian universities (UFPR and UFBA) about genes and investigates the contribution of the discipline “Genetics” for the promotion of changes in these conceptions. Our results indicate that the classic molecular gene concept – according to which a gene is a segment of DNA that codifies a functional product (polypeptide or RNA) – prevails among the students investigated in both universities. The main change observed were the increase of molecular conceptions between UFPR’s students and the decrease of informational conceptions between UFBA’s students.

## 1. Introdução

O conceito de gene tem desempenhado um papel central na biologia desde o começo do século XX. Contudo, este conceito tem sido objeto de controvérsia crescente desde meados da década de 1980, inicialmente na filosofia da biologia, e, a partir do começo do século XXI, também na própria biologia. Apesar de alguns autores argumentarem que “o gene está para a genética assim como o átomo está para a química” (Snustad *et al.* 2005, p. 381; ver também Keller 2000, 2005), outros, no

entanto, discutem que é evidente que, atualmente, gene é um “conceito sob tensão” (Falk 2000) ou “com problemas” (Keller 2000). As últimas três décadas de estudos experimentais trouxeram à tona uma série de descobertas interessantes, como, por exemplo, as de genes interrompidos, da emenda ou *splicing* alternativo, da sobreposição de genes e de genes que se situam dentro de outros genes (genes aninhados, *nested genes*), da edição de RNAm e dos modos alternativos de tradução (ver, por exemplo, Fogle 1990, 2000; Falk 1986, 2000; Pardini & Guimarães 1992; Griffiths & Neumann-Held 1999; Keller 2000; Moss 2001, 2003; El-Hani *et al.* 2006; Neumann-Held & Sutter 2006; El-Hani 2007). Estas descobertas relativamente recentes colocam desafios importantes para a nossa compreensão atual do conceito de gene e se encontram nas origens dos debates a seu respeito.

Três definições são, em geral, largamente encontradas em livros didáticos de Genética e Biologia Celular Molecular de diferentes níveis de ensino (Pitombo *et al.*, 2007, no prelo; Santos & El-Hani, 2007): o conceito mendeliano de gene, o chamado conceito molecular clássico de gene e a concepção informacional. Estes conceitos também compõem o discurso sobre genes que tem marcado nossas sociedades na última década, veiculando visões sobre a relação entre genes e características fenotípicas que perdem de vista a complexidade dos sistemas vivos e se comprometem com idéias deterministas que não têm sustentação frente ao que sabemos hoje sobre aqueles sistemas.

O conceito mendeliano pode ser ilustrado por meio da seguinte explicação sobre o que é um gene, encontrada num livro didático de ensino superior: em seu glossário, Lodish *et al.* (2003) caracterizam um gene como “uma unidade física funcional de hereditariedade, a qual carrega informação de uma geração para outra” (p. G-9). Este conceito enfatiza a compreensão do gene como unidade de herança e pode ser considerado satisfatório somente se a perspectiva de análise levar em conta informações que vão além da compreensão pré-molecular deste conceito. No caso da explicação citada acima, pode-se perceber, ainda, uma superposição entre o conceito mendeliano e a concepção informacional, bastante comum no tratamento de genes em materiais didáticos.

Por sua vez, o conceito molecular clássico, largamente representado em situações educacionais, caracteriza o gene como um segmento de DNA que codifica um produto funcional, o qual pode ser um polipeptídeo ou uma molécula de RNA. Este conceito é também bem exemplificado por uma passagem de livro didático de ensino superior:

“Um *gene* é definido como um segmento da seqüência de DNA correspondente a uma única proteína (ou a uma única molécula de RNA estrutural ou catalítico para aqueles genes que produzem RNA, mas não proteínas)” (Alberts *et al.* 2002, p. 9. Ênfase no original).

Esta visão conduz à idéia de um gene como uma unidade contínua ou não-interrompida no genoma, com começo e fim bem definidos, que codifica um produto que cumpre uma determinada função celular. Dito de outra maneira, genes são, nesses termos, tratados como unidades estruturais e funcionais. Fenômenos como a existência de genes interrompidos e o *splicing* alternativo, que torna possível que várias proteínas sejam produzidas a partir de um único gene - entre outros possíveis exemplos - criam dificuldades consideráveis para a idéia de que um gene poderia ser uma unidade estrutural e funcional tão bem demarcada no genoma. Embora seja inquestionável que este conceito exerceu uma forte influência no pensamento biológico das últimas décadas, achados da biologia celular e molecular dos últimos trinta anos o tornaram

cada vez mais problemático. Na verdade, a crise atual do conceito de gene é, basicamente, a crise do conceito molecular clássico de gene.

Desde a proposição do modelo da dupla hélice de DNA por Watson e Crick (1953), o gene tem sido tratado simultaneamente como matéria física e informação, uma substância química e um programa que governa a vida. Esta idéia, no entanto, nada tem de trivial. A incorporação de um vocabulário informacional na biologia molecular e genética desde a década de 1950 (Kay 2000) resultou em um discurso da informação (“*information talk*”), marcado pelo uso de termos e expressões como “informação genética”, “código genético”, “mensagem genética”, “sinalização”, etc. Atualmente, este discurso não é mais do que um conjunto de metáforas em busca de uma teoria que possa conferir-lhe sentido preciso (Griffiths 2001; El-Hani *et al.* 2006). Na ausência de tal teoria da informação biológica, não é claro o significado da expressão ‘informação genética’, o que não impediu que a concepção informacional, de acordo com a qual genes são tratados como unidades informacionais (Stotz *et al.* 2004), se tornasse muito comum no ensino de genética e biologia molecular, nos discursos sobre genes em diferentes contextos sociais e até mesmo na comunidade científica. Mais uma vez, uma passagem de livro didático do ensino superior pode exemplificar este conceito:

“O programa genético humano contém suficiente informação, se convertido em palavras, para encher milhões de páginas de texto. Notavelmente, esta vasta quantidade de informação está empacotada num conjunto de cromossomos que ocupa o espaço de um núcleo celular – centenas de vezes menor do que o ponto neste *i*. Genes são mais do que recipientes armazenadores de informação: eles constituem os projetos para a construção de estruturas celulares, as instruções para rodar atividades celulares e o programas para fazer outros como nós” (Karp, 2004, p. 5).

Este trecho também ilustra a conexão íntima entre o compromisso com uma visão determinista genética, a criticada metáfora do ‘programa genético’ e a concepção informacional de gene.

Outras tentativas para caracterizar e explicar genes são encontradas na literatura. Moss (2001; 2003), por exemplo, numa tentativa de organizar a variedade de conceitos de gene, propôs uma distinção entre Gene-P (o gene como determinante de fenótipos ou diferenças fenotípicas, sem quaisquer requisitos quanto a seqüências moleculares específicas ou à biologia envolvida na produção do fenótipo) e Gene-D (o gene como um recurso desenvolvimental que é, em si mesmo, indeterminado com relação ao fenótipo). Ele admite a validade e pertinência de ambos os conceitos em diferentes contextos explicativos na genética, biologia molecular e em outras áreas, mas critica a mistura indiscriminada dos dois conceitos, como uma fonte do determinismo genético.

Um outro exemplo é o conceito de ‘gene evolutivo’, introduzido por Williams (1966) e elaborado por Dawkins (1982) no contexto da Biologia Evolutiva. Ele foi definido por Dawkins como sendo “qualquer trecho de DNA, começando e terminando em pontos arbitrariamente escolhidos no cromossomo”, que compete “... com trechos alelomórficos pela região cromossômica em questão” (Dawkins 1982, p. 87). Embora este conceito não seja usado com frequência, particularmente fora da Biologia Evolutiva, ele não está livre de críticas (ver, por exemplo, Griffiths & Neumann-Held 1999; Sterelny & Griffiths 1999).

Griffiths e Neumann-Held argumentam que é preciso abandonar a visão que identifica genes com segmentos particulares no cromossomo em favor de uma visão alternativa, na qual genes sejam compreendidos como unidades significativas para o desenvolvimento (‘developmentally meaningful units’). Em reação aos problemas do conceito molecular do gene, os autores elaboraram o conceito de gene molecular

processual (Griffiths e Neumann-Held, 1999; Neumann-Held, 2001), o qual não caracteriza genes como pedaços de DNA apenas, mas dá ênfase ao processo molecular subjacente à capacidade de expressar um produto particular. Eles explicam este conceito como segue: "... 'gene' denota o processo recorrente que leva à expressão temporal e espacialmente regulada de um produto polipeptídico particular" (Griffiths & Neumann-Held, 1999, p. 659).

As tentativas de preservar a idéia do gene como unidade estrutural e/ou funcional (ou, ainda, informacional) diante dos diversos desafios enfrentados por ela levaram a uma proliferação de significados do termo 'gene', que é, atualmente, parte substancial da crise deste conceito. Entretanto, o problema não está no fato de o termo 'gene' ter vários sentidos; afinal, muitos outros termos científicos são polissêmicos e não levam necessariamente a confusões semânticas. O problema reside, antes, no fato de que os vários significados do termo 'gene' e seus respectivos contextos de aplicação não se mostram suficientemente claros e bem demarcados, o que acaba por gerar uma grande ambigüidade e confusão semântica no emprego do termo.

Para muitos filósofos e cientistas, é evidente a necessidade de uma análise cuidadosa e de uma reformulação deste conceito central do pensamento biológico (Fogle 1990, 2000, Falk 1986, 2000, Pardini & Guimarães 1992, Griffiths & Neumann-Held 1999, Keller 2000, Moss 2001, 2003, El-Hani *et al.* 2006, El-Hani 2007, Neumann-Held & Sutter 2006). Não se trata de elaborar um conceito de gene único e singular, o qual teria a difícil incumbência de dar conta da ampla diversidade de significados do termo encontrada na literatura. Trata-se, antes, de explicar com clareza o significado atribuído ao termo em diferentes contextos e delimitar os domínios de aplicação de cada conceito de gene (El-Hani 2007).

Devemos considerar, ainda, o papel crescente e importante do discurso sobre genes em contextos não-científicos, em diferentes esferas da sociedade, veiculando simplificações e um compromisso com visões deterministas que tem conseqüências importantes para a compreensão do que são genes e de como eles se relacionam com as características fenotípicas pelas pessoas em geral, por tomadores de decisão, por empresários etc. Dada esta situação, tão importante quanto discutir o problema do gene na literatura científica e filosófica é trazer este debate para as salas de aula, que são locais privilegiados de contato dos estudantes com este tema, nos quais uma discussão bem informada sobre a crise do conceito pode ajudar os estudantes a formularem uma compreensão mais crítica a este respeito.

No presente artigo, relatamos os resultados de uma investigação sobre as concepções sobre genes de estudantes de graduação em Ciências Biológicas de duas universidades brasileiras (UFPR e UFBA) e as mudanças sofridas por elas sob a influência das disciplinas de genética. Pretendemos, a partir deste estudo, contribuir para uma abordagem mais crítica do conceito de gene no ensino de Genética, que leve em conta os debates atuais sobre este conceito.

## **2. Métodos**

### **2.1. Amostra**

A amostra estudada foi composta por 112 estudantes de graduação das Universidades Federais do Paraná e da Bahia, os quais responderam um questionário sobre genes previamente testado em estudo piloto. Sessenta estudantes cursavam Ciências Biológicas na UFPR e 52 na UFBA. Cada um dos dois grupos foi subdividido em estudantes que já haviam cursado as disciplinas de genética e aqueles que ainda não haviam cursado as disciplinas desta área da Biologia. Vale ressaltar que ambas as grades curriculares apresentam duas disciplinas de genética. Ainda, todos os estudantes do

grupo que já haviam cursado as disciplinas de genética também já haviam cursado Biologia Celular e Molecular, de acordo com as grades curriculares da UFPR e da UFBA, de modo que esta última disciplina não foi uma variável de confusão na análise que realizamos.

## 2.2. Ferramenta de coleta de dados

Os dados foram coletados através de aplicação de um questionário construído com o intento de abranger diversas idéias sobre genes encontradas na literatura, assim como os principais desafios a estas idéias. O questionário foi previamente testado em estudo piloto em ambas as Universidades e apresenta três seções: a primeira (seção A) levanta dados pessoais do estudante; a segunda (seção B) contém sete questões abertas sobre o conceito de gene e conceitos relacionados, como o de informação, por exemplo; e a terceira seção (C) propõe duas questões fechadas sobre diferentes concepções de gene. Esta terceira seção foi baseada em questionário utilizado por Stotz *et al.* (2004).

O questionário completo possui um total de 11 questões, mas analisamos, no presente artigo, os resultados obtidos em apenas 5 destas questões. A primeira delas propõe a questão “Em sua visão o que é um gene?” e os estudantes dispõem de espaço livre para respondê-la. A segunda questão requer que o aluno leia o seguinte trecho, retirado de um texto didático bastante utilizado no ensino superior:

“Em termos moleculares, um gene é usualmente definido como toda a seqüência de ácido nucléico que é necessária para a síntese de um polipeptídeo funcional. De acordo com esta definição, um gene inclui mais do que os nucleotídeos que codificam a seqüência de aminoácidos de uma proteína, conhecida como a região codificadora. Um gene também inclui todas as seqüências de DNA necessárias para a síntese de um transcrito de RNA particular. Em alguns genes procarióticos, as seqüências de DNA que controlam a iniciação da transcrição pela RNA polimerase podem se encontrar a milhares de pares de bases da região codificadora.” (Lodish *et al.*, 2003, p. 406)

Após a leitura do trecho, os estudantes devem escolher apenas uma das seguintes alternativas: (a) Eu concordo completamente; (b) Eu concordo parcialmente; (c) Eu nem concordo nem discordo; (d) Eu discordo parcialmente, e; (e) Eu discordo completamente. A terceira questão solicitava ao estudante que analisasse o trecho abaixo e respondesse se concordava ou discordava, justificando sua resposta:

“O genótipo é o projeto de um organismo, o conjunto de instruções para o desenvolvimento recebido dos pais. O fenótipo é a manifestação da informação contida no genótipo na forma de características morfológicas, fisiológicas, bioquímicas ou comportamentais”.

A quarta e quinta questões têm a mesma construção, nas quais diversas alternativas sobre conceitos de gene eram fornecidos. As alternativas eram as seguintes: (a) Um gene é uma unidade hereditária transmitida da geração parental para a progênie; (b) Um gene é uma seqüência de DNA que codifica um produto funcional, que pode ser um polipeptídeo ou um RNA; (c) Um gene é uma estrutura que transmite de uma geração para outra informações ou instruções para o desenvolvimento e o funcionamento orgânico; (d) Um gene é um determinador de fenótipos ou diferenças fenotípicas; (e) Um gene é um recurso para o desenvolvimento, lado a lado com outros recursos (epigenéticos, ambientais) igualmente importantes; (f) Um gene é um processo que inclui seqüências de DNA e outros componentes, que participam na expressão de um produto polipeptídico ou um RNA particular; (g) Um gene é qualquer segmento de DNA, começando e terminando em pontos arbitrários de um cromossomo, que compete

com segmentos alelomórficos pela região do cromossomo em questão; (h) Um gene é uma seqüência de DNA com uma estrutura característica; (i) Um gene é uma seqüência de DNA com uma função característica; (j) Um gene é uma seqüência de DNA que contém uma informação característica. No entanto, os estudantes deveriam, na quarta questão, escolher apenas uma das alternativas oferecidas (escolha forçada), e, na quinta, podiam escolher livremente todas as alternativas com as quais concordassem.

Os questionários foram aplicados com o consentimento informado dos participantes e a confidencialidade das informações foi garantida previamente. O projeto ao qual está vinculado o presente estudo foi devidamente aprovado em comitê de ética na pesquisa (CEP/ISC).

### **2.3. Análise dos Dados**

As respostas fornecidas pelos estudantes às questões abertas foram analisadas segundo a técnica de análise categórica, entre as técnicas de análise de conteúdo abordadas por Bardin (2000). As respostas foram categorizadas e analisadas tanto qualitativamente, com base na literatura científica, histórica e filosófica sobre os conceitos de gene, quanto quantitativamente, enumerando-se as respostas de acordo com a frequência dos conceitos significantes. No caso das questões fechadas, foram quantificadas as frequências das alternativas marcadas pelos estudantes.

Os dados brutos foram submetidos a duas análises independentes, por duas pesquisadoras envolvidas no projeto. A taxa de concordância entre esses avaliadores foi de cerca de 60%. As categorizações nas quais houve diferença entre as duas pesquisadoras foram então discutidas por dois outros pesquisadores do projeto, que chegaram a uma conclusão compartilhada sobre qual categorização deveria ser preferida. Essa conclusão foi então discutida entre os quatro pesquisadores, chegando-se a um consenso compartilhado por todos eles quanto a qual categorização utilizar nos casos polêmicos. Estes procedimentos permitiram aumentar a validade interna da análise aqui relatada. A validade externa em relação às populações de estudantes da Biologia da UFPR e da UFBA pode ser sustentada com base no fato de que as amostras correspondem a cerca de 10% daquelas populações. Não podemos defender, contudo, a validade de nossos achados para populações mais amplas de estudantes de Biologia, o que não mina, em nosso entendimento, o valor e as contribuições dos resultados aqui relatados.

### **3. Resultados e Discussão**

Os resultados, para cada uma das cinco questões analisadas, são apresentados nas Figuras 1 a 10. Em todas as figuras, os estudantes são divididos em dois grupos: NG, para aqueles que não haviam cursado as disciplinas de genética, e SG, para os estudantes que já haviam cursado genética. Na UFPR, havia 28 estudantes no grupo NG e 32 no grupo SG, na UFBA, o grupo NG era composto por 33 estudantes e o grupo SG tinha 19.

Na análise da questão aberta “Em sua visão o que é um gene?”, cinco categorias foram construídas para expressar as concepções sobre genes apresentadas pelos estudantes: (a) concepção Mendeliana de gene; (b) conceito molecular clássico; (c) concepção informacional; (d) outras concepções sobre gene, como Gene-P, Gene-D ou gene evolutivo; (e) Não-respondida ou não-compreensível.

Na análise desta questão, encontramos sobreposição de categorias nas respostas dos estudantes. Por exemplo, o fragmento abaixo ilustra a sobreposição das concepções mendeliana e molecular clássica:

“O gene é a unidade fundamental da herança. Ele é constituído basicamente de uma seqüência iniciadora, o gene em si a ser codificado e uma seqüência de término. A partir dele é transcrito o RNAt, RNAm ou RNAr, que, por sua vez, serão traduzidos em aminoácidos, polipeptídeos, proteínas ou partes delas.” (UFPR, 11)

Assim, o número de respostas mostradas é maior do que o número total de estudantes, posto que houve respostas que podiam ser enquadradas em mais de uma categoria (Figuras 1 e 2). A taxa de sobreposição entre os alunos da UFPR foi de 20%, e entre os alunos da UFBA, de 26,9%.

O conceito molecular clássico prevaleceu na visão dos estudantes de ambas as universidades, tanto nas respostas dos grupos NG quanto naquelas do grupo SG. Os fragmentos abaixo são exemplos de concepção molecular clássica apresentada pelos estudantes:

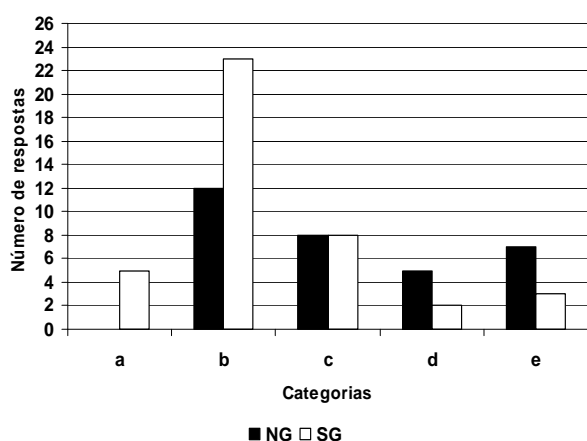
“Segmento de DNA que codifica um RNA funcional” (UFPR, 7)

“É um trecho da molécula de ácido nucléico que codifica uma proteína” (UFPR, 16)

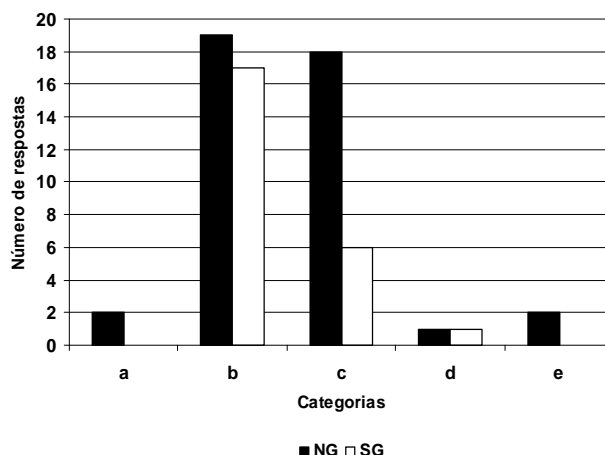
“É um fragmento de DNA responsável por codificar uma cadeia polipeptídica ou um RNA” (UFPR, 20)

Houve, contudo, uma diferença clara na influência das disciplinas de genética destas duas universidades: enquanto na UFPR o conceito molecular clássico teve sua ocorrência substancialmente aumentada após os estudantes terem cursado estas disciplinas, houve uma ligeira diminuição no caso da UFBA. Nesta última universidade, a concepção molecular clássica era inicialmente acompanhada de uma grande ocorrência da concepção informacional, que, como vimos na introdução, se mostra bastante problemática. Esta ocorrência foi, contudo, bastante diminuída após os estudantes terem cursado as disciplinas de genética. Na UFPR, a concepção informacional ocorreu com freqüência relativamente pequena nos grupos NG e SG e, conseqüentemente, respostas exclusivamente informacionais foram bastante escassas. Um exemplo é oferecido pelo fragmento abaixo:

“Unidade informacional hereditária” (UFPR, 3)



**Figura 01** - Distribuição das respostas dos estudantes da UFPR nas categorias construídas para a primeira questão: (a) concepção Mendeliana de gene; (b) conceito molecular clássico; (c) concepção informacional; (d) outras concepções sobre gene, como Gene-P, Gene-D ou gene evolutivo; (e) Não-respondida ou não-compreensível.



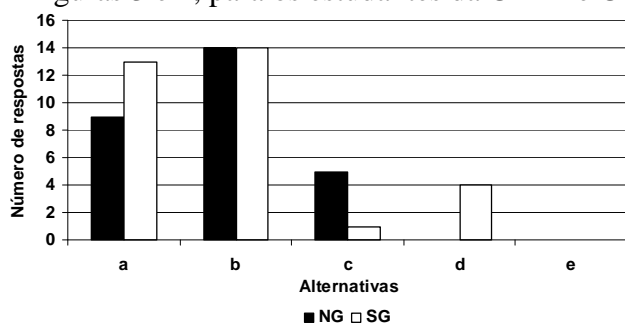
**Figura 02** - Distribuição das respostas dos estudantes da UFBA nas categorias construídas para a primeira questão: (a) concepção Mendeliana de gene; (b) conceito molecular clássico; (c) concepção informacional; (d) outras concepções sobre gene, como Gene-P, Gene-D ou gene evolutivo; (e) Não-respondida ou não-compreensível.

Respostas que apresentavam outros conceitos de gene e não-fornecidas ou incompreensíveis foram pouco frequentes no caso desta pergunta. O fragmento abaixo exemplifica uma resposta classificada como Gene-P, incluída na categoria ‘outros’:

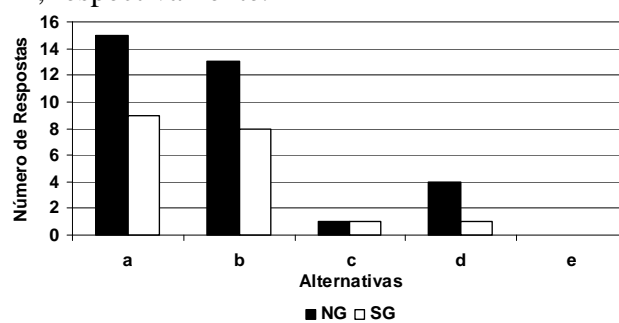
“Componente da carga genética capaz de determinar uma ou mais características fenotípicas” (UFBA, 11)

O aumento do conceito molecular clássico de gene entre os estudantes da UFPR após o ensino de genética pode estar relacionado à prevalência deste conceito em livros didáticos de Biologia Celular e Molecular e Genética do ensino superior (Pitombo *et al.*, 2007, no prelo). Entretanto, estes mesmos livros são usados nos cursos da UFBA e não detectamos o mesmo aumento do conceito molecular clássico. Além disso, o papel dos livros didáticos não poderia explicar a diminuição da concepção informacional entre os estudantes da UFBA, uma vez que esta concepção também é muito frequente nestes materiais, como os mesmos autores citados acima mostram. Podemos conjecturar, assim, que os diferentes padrões de mudança nas idéias sobre genes após os estudantes terem cursado as disciplinas de genéticas nas duas universidades podem ser explicados a partir das interações discursivas nas salas de aula propriamente ditas, mas não temos no momento dados empíricos que apoiem esta inferência. Em trabalhos futuros, esperamos investigar as relações entre interações discursivas nas aulas de genética das duas universidades e as visões dos estudantes sobre genes.

Os resultados encontrados para a segunda questão analisada são mostrados nas Figuras 3 e 4, para os estudantes da UFPR e UFBA, respectivamente.



**Figura 03** - Distribuição das respostas dos estudantes da UFPR à segunda questão, segundo as alternativas oferecidas: (a) Eu concordo completamente; (b) Eu concordo parcialmente; (c) Eu nem concordo nem discordo; (d) Eu discordo parcialmente, e; (e) Eu discordo completamente.



**Figura 04** - Distribuição das respostas dos estudantes da UFBA à segunda questão, segundo as alternativas oferecidas: (a) Eu concordo completamente; (b) Eu concordo parcialmente; (c) Eu nem concordo nem discordo; (d) Eu discordo parcialmente, e; (e) Eu discordo completamente.

Após a leitura do trecho apresentado na segunda questão, a maioria dos estudantes da UFPR, em ambos os grupos SG e NG, concordou parcialmente com o trecho lido. Além disso, um número considerável de estudantes concordou completamente com o trecho. Na UFPR, nenhum aluno discordou completamente do trecho, porém, quatro alunos que haviam cursado disciplinas de genética discordaram parcialmente do trecho.

Já na UFBA, a maioria dos estudantes dos grupos NG e SG concordou completamente com o trecho retirado de Lodish et al. (2003), seguido de um número considerável de estudantes que concordou parcialmente com a visão apresentada. Ainda entre os estudantes da UFBA, apenas um estudante do grupo SG discordou parcialmente do trecho, enquanto 4 alunos do grupo NG discordaram parcialmente do mesmo trecho. Também na UFBA, nenhum estudante discordou completamente do trecho.



Estes resultados mostram, primeiro, que o conceito molecular clássico de gene é amplamente aceito pelos estudantes; segundo, que as disciplinas de genética tiveram pouca influência sobre sua tendência de concordar com a visão encontrada no trecho de livro didático apresentado a eles; e, terceiro, que os estudantes admitem um modelo completamente inclusivo para o gene, que incorpora neste seqüências requeridas para a transcrição e regulação gênica, tais como promotores, *enhancers* ou acentuadores, seqüências de terminação, reguladores etc., apesar das inúmeras dificuldades que esta concepção traz, como, por exemplo, a enorme superposição de genes que dependem das mesmas seqüências regulatórias (El-Hani, 2007; Pitombo *et al.*, 2007, no prelo).

Considerando o trecho apresentado na terceira questão, as categorias construídas a partir da análise das respostas dos estudantes foram as seguintes: (a) estudantes que discordavam parcialmente do trecho, comentando que fatores ambientais deviam ser considerados; (b) estudantes que concordavam completamente; e (c) não-respondida ou não-compreensível. As Figuras 5 e 6 apresentam as respostas dos estudantes da UFPR e UFBA, respectivamente.

Os fragmentos abaixo fornecem exemplos de respostas nas quais os alunos comentaram sobre a ausência dos fatores ambientais no trecho apresentado:

“O fenótipo é tudo isso e mais interferência do meio” (UFPR, 24)

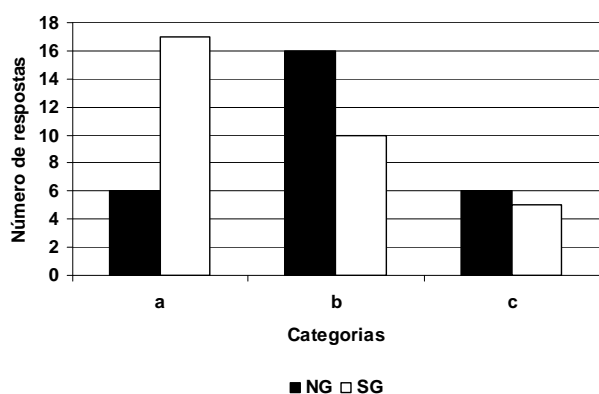
“Não houve menção da possibilidade de influência do ambiente no fenótipo” (UFPR, 26)

“Faltou dizer que essa manifestação da informação (fenótipo) está diretamente relacionada com o ambiente no qual o organismo se desenvolverá” (UFBA, 15)

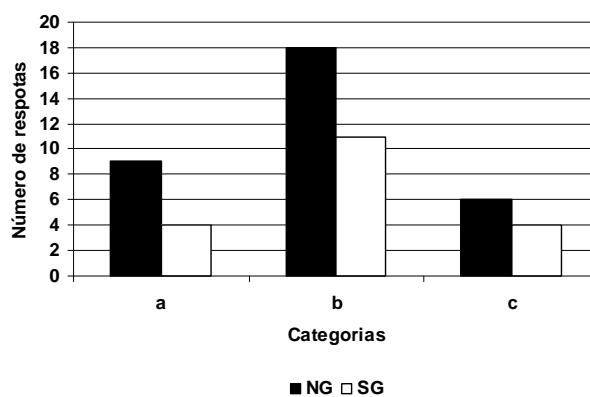
Os trechos a seguir exemplificam casos em que os estudantes concordaram completamente com o trecho:

“Concordo que o genótipo seja o conjunto de instruções para o desenvolvimento recebido dos pais, pois é nele que a informação advinda das gerações anteriores é armazenada, enquanto que o fenótipo é a expressão desta informação contida no genótipo.” (UFBA, 52)

“O genótipo possui a informação que vai se transformar em uma característica fenotípica” (UFPR, 27)



**Figura 05** - Distribuição das respostas dos estudantes da UFPR à terceira questão, segundo as categorias de análise criadas: (a) discordo parcialmente do trecho; (b) concordo completamente; e (c) não-respondida ou não-compreensível.

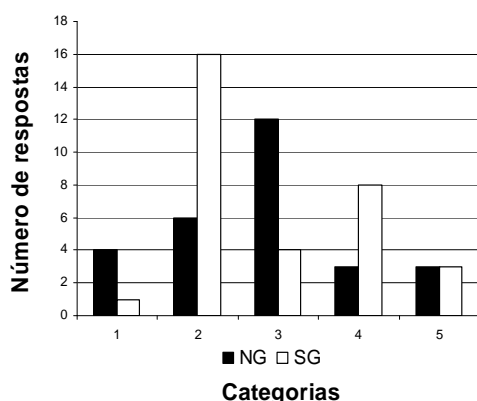


**Figura 06** - Distribuição das respostas dos estudantes da UFBA à terceira questão, segundo as categorias de análise criadas: (a) discordo parcialmente do trecho; (b) concordo completamente; e (c) não-respondida ou não-compreensível.

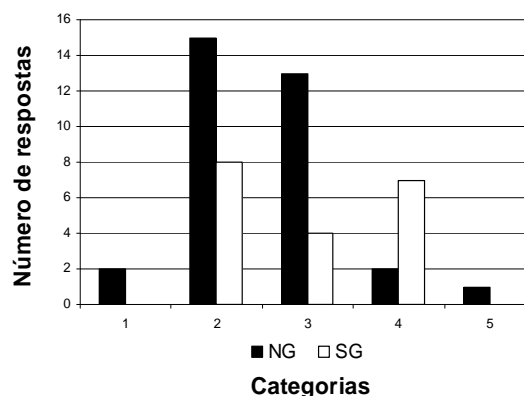
Os estudantes da UFPR apresentaram uma clara diferença na distribuição das respostas entre os grupos SG e NG. Enquanto a maioria dos estudantes do grupo SG identificou a importância de fatores ambientais na determinação do fenótipo de um organismo, a maioria dos estudantes do grupo NG concordou completamente com a

afirmação apresentada. Isso sugere um papel importante das disciplinas de genética quanto ao desenvolvimento de visões mais críticas sobre o determinismo genético e a metáfora do programa genético para o desenvolvimento. Já na UFBA, a maioria das respostas apresentadas pelos estudantes concordava completamente com o trecho apresentado, tanto no grupo NG quanto no grupo SG. Além disso, aquelas respostas que apontavam a importância de fatores ambientais na determinação do fenótipo foram mais freqüentes entre os estudantes do grupo NG do que no grupo SG. Desse modo, na UFBA, as disciplinas de genética não pareceram afetar o compromisso dos estudantes com o determinismo genético e a metáfora do programa genético.

Para a análise da quarta e quinta questão, as alternativas oferecidas aos estudantes foram categorizadas como segue: (1) Conceito mendeliano, referente à alternativa ‘a’ (Um gene é uma unidade hereditária transmitida da geração parental para a progênie); (2) Conceito molecular clássico, presente nas alternativas ‘b’ (Um gene é uma seqüência de DNA que codifica um produto funcional, que pode ser um polipeptídeo ou um RNA), ‘h’ (Um gene é uma seqüência de DNA com uma estrutura característica) e ‘i’ (Um gene é uma seqüência de DNA com uma função característica); (3) Concepção informacional, nas alternativas ‘c’ (Um gene é uma estrutura que transmite de uma geração para outra informações ou instruções para o desenvolvimento e o funcionamento orgânico) e ‘j’ (gene é uma seqüência de DNA que contém uma informação característica); (4) outras concepções de gene (Gene-P, Gene-D, gene evolutivo) nas alternativas ‘d’ (Um gene é um determinador de fenótipos ou diferenças fenotípicas), ‘e’ (Um gene é um recurso para o desenvolvimento, lado a lado com outros recursos (epigenéticos, ambientais) igualmente importantes) e ‘g’ (Um gene é qualquer segmento de DNA, começando e terminando em pontos arbitrários de um cromossomo, que compete com segmentos alelomórficos pela região do cromossomo em questão) das respostas oferecidas; (5) gene molecular processual de Griffiths e Neumann-Held, na alternativa ‘f’ (Um gene é um processo que inclui seqüências de DNA e outros componentes, que participam na expressão de um produto polipeptídico ou um RNA particular). As Figuras 7 e 8 apresentam as respostas à questão de escolha forçada dos alunos da UFPR e da UFBA, respectivamente.



**Figura 07 - Distribuição das respostas dos alunos da UFPR à quarta questão, segundo as categorias construídas para a análise: (1) conceito mendeliano; (2) conceito molecular clássico; (3) concepção informacional; (4) outras concepções de gene (Gene-P, Gene-D, gene evolutivo); e (5) gene processual.**

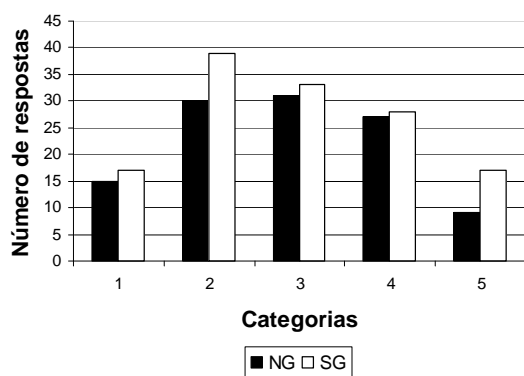


**Figura 08 - Distribuição das respostas dos alunos da UFBA à quarta questão, segundo as categorias construídas para a análise (1) conceito mendeliano; (2) conceito molecular clássico; (3) concepção informacional; (4) outras concepções de gene (Gene-P, Gene-D, gene evolutivo); e (5) gene processual.**

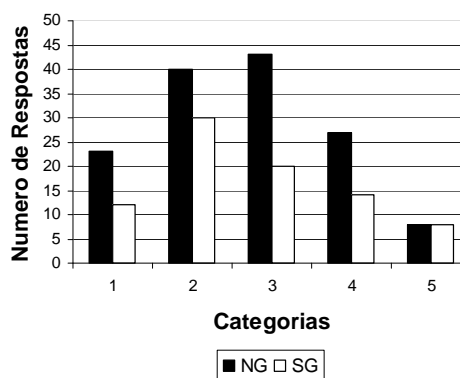
Podemos observar na Figura 7 uma diferença relevante na distribuição das concepções dos estudantes dos grupos SN e NG na UFPR, com a maior parte dos estudantes do grupo NG optando pela concepção informacional, enquanto os alunos do grupo SG optaram pelas alternativas que apresentavam o conceito molecular clássico de gene. Estes resultados são compatíveis com aqueles obtidos na questão aberta sobre o conceito de gene e mostram a tendência de deslocamento dos estudantes para o conceito molecular clássico após as disciplinas de genética, acompanhada de diminuição das respostas comprometidas com a concepção informacional.

A Figura 8, por sua vez, mostra que as respostas dos estudantes da UFBA também variaram entre os grupos SG e NG. A principal diferença residiu na diminuição do conceito molecular clássico e da concepção informacional. Os resultados também foram compatíveis com aqueles obtidos na questão aberta sobre o conceito de gene, mas a escolha forçada resultou numa diminuição mais marcante do conceito molecular clássico.

As Figuras 9 e 10 apresentam os resultados da questão de escolha livre para estudantes da UFPR e da UFBA, respectivamente.



**Figura 09** - Distribuição das respostas dos estudantes da UFPR à quinta questão, segundo as categorias criadas: (1) conceito mendeliano; (2) conceito molecular clássico; (3) concepção informacional; (4) outras concepções de gene (Gene-P, Gene-D, gene evolutivo); e (5) conceito de gene processual.



**Figura 10** - Distribuição das respostas dos estudantes da UFBA à quinta questão, segundo as categorias criadas: (1) conceito mendeliano; (2) conceito molecular clássico; (3) concepção informacional; (4) outras concepções de gene (Gene-P, Gene-D, gene evolutivo); e (5) conceito de gene processual.

Em todos os grupos, tanto na UFBA quanto na UFPR, o número de respostas, por estudante, aumentou 4 vezes, aproximadamente. Ou seja, em média, cada estudante marcou 4 alternativas na questão fechada de escolha livre, não havendo diferença entre os grupos ou entre as universidades. Na Figura 9, podemos observar que a maior frequência de respostas dos estudantes da UFPR, no grupo NG, diz respeito à concepção informacional, enquanto no grupo SG, o conceito molecular clássico predomina. Houve um aumento da concepção mendeliana em ambos os grupos e da concepção informacional no grupo SG, em comparação com a questão de escolha forçada.

Na Figura 10, vemos que, entre os estudantes da UFBA, a concepção informacional também foi a mais frequente no grupo NG, enquanto no grupo SG, temos uma maior predominância da concepção informacional. Em relação à questão de escolha forçada, houve sobretudo aumento da concepção mendeliana em ambos os grupos.

Os resultados da questão de escolha livre mostram que os estudantes de ambas as universidades admitem um modelo híbrido abrangente, no qual conteúdos

relacionados a diversos conceitos e modelos de gene são combinados, com maior ênfase – em particular, após o ensino de genética – sobre o conceito molecular clássico. A questão fechada, na medida em que permitiu a escolha livre, tornou mais fácil a expressão de tal diversidade de suas idéias, uma vez que não requer o mesmo esforço de elaboração conceitual que a questão aberta. Tal hibridização de modelos é favorecida pelo modo como os livros didáticos abordam os genes, superpondo idéias de diferentes modelos como se formassem um todo integrado (embora os modelos sejam de fato distintos) (ver Pitombo *et al.*, 2007, no prelo).

#### 4. Considerações finais

Os resultados aqui apresentados apontam para algumas questões interessantes. Em primeiro lugar, o conceito molecular clássico prevaleceu na visão dos estudantes de ambas as universidades, tanto nas respostas dos grupos NG quanto naquelas do grupo SG. Em segundo, nossos resultados mostram que as disciplinas de genética de ambas as universidades, ao passo que não desafiam esta prevalência do conceito molecular clássico, favorecem uma diversificação das idéias sobre genes entre os estudantes. Desse modo, elas contribuem para a construção de uma visão abrangente sobre genes. Ao mesmo tempo em que uma diversidade de idéias sobre genes pode ser interessante, caso as diferentes concepções sejam utilizadas em seus contextos apropriados, há o grande risco de uma hibridização de modelos, levando a confusão semântica, ambigüidades e dificuldade de compreensão da natureza dos modelos científicos. Para averiguar de que modo os estudantes lidam com a diversidade de idéias sobre genes, será preciso investigar os contextos nos quais os estudantes utilizam diferentes idéias sobre genes. Contudo, se tivermos na devida conta a literatura sobre a compreensão de genes entre estudantes (*e.g.*, Lewis & Wood-Robinson, 2000) e mesmo pesquisadores (*e.g.*, Stotz *et al.*, 2004), há razões para suspeitar que exista confusão semântica entre os estudantes investigados.

Outro resultado importante diz respeito à promoção de uma visão mais crítica sobre o determinismo genético pelas disciplinas de genética de ambas as universidades. Enquanto na UFPR as disciplinas de genética parecem cumprir um papel relevante quanto ao desenvolvimento de visões mais críticas sobre o determinismo genético e a metáfora do programa genético para o desenvolvimento, o mesmo não parece ocorrer na UFBA. Isso indica a necessidade de repensar os cursos de genética desta última universidade, de modo a colocar mais em questão visões deterministas genéticas, que têm importantes e sérias conseqüências sociais, políticas, econômicas e éticas.

#### Referências

- Alberts, B., Johnson, A., Lewis, J., Raff, M., Roberts, K., & Walter, P. *Molecular Biology of the Cell* (4<sup>th</sup> Ed.). New York: Garland, 2002.
- Bardin, L. *Análise de conteúdo*. Lisboa: Edições 70, 2000.
- El-Hani, C. N. Between the cross and the sword: the crisis of the gene concept. *Genetics and Molecular Biology* 30(2), 297-307, 2007.
- El-Hani, C. N., Queiroz, J., & Emmeche, C. A semiotic analysis of the genetic information system. *Semiotica*, 160, 1-68, 2006.
- 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 P. Beurton, R. Falk, & H.-J. Rheinberger (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 P. Beurton, R. Falk, & H.-J. Rheinberger (Eds.). *The concept of the gene in development and evolution*. Cambridge-UK: Cambridge University Press, 2000. Pp. 3-25
- 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. (1999). 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.
- Kay, L. E. *Who wrote the book of life? A history of the genetic code*. Stanford: Stanford University Press, 2000.
- Lewis, J., & Wood-Robinson, C. Genes, chromosomes, cell division and inheritance – do students see any relationship? *International Journal of Science Education*, 22, 177-195, 2000.
- Lodish, H., Kaiser, C. A., Berk, A., Krieger, M., Matsudaira, P., & Scott, M. P. *Molecular Cell Biology* (5<sup>th</sup> Ed.). New York: W. H Freeman, 2003.
- Moss, L. Deconstructing the gene and reconstructing molecular developmental systems. In S. Oyama, P. E. Griffiths, & R. D. Gray (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.
- 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. Gene concepts in higher education cell & molecular biology textbooks. *Science Education International*, submetido, 2007.
- 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.
- Santos, V. C. & El-Hani, C. N. Idéias sobre genes em livros didáticos de biologia do ensino médio publicados no Brasil. *Atas do VI ENPEC*, 2007.
- Snustad, P., Simmons, M. J., & Jenkins J. B. *Principles of genetics* (4<sup>th</sup> Ed.). New York: John Wiley & Sons, 2005.
- 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.