



UNIVERSIDADE FEDERAL DA BAHIA
UNIVERSIDADE ESTADUAL DE FEIRA DE SANTANA



PROGRAMA DE PÓS GRADUAÇÃO EM ENSINO, FILOSOFIA E HISTÓRIA
DAS CIÊNCIAS

Leonardo Celin Patiño

**VISÕES SOBRE GENES DE PESQUISADORES EM
GENÉTICA, BIOLOGIA MOLECULAR E GENÔMICA EM
DIFERENTES NÍVEIS DE FORMAÇÃO**

Salvador, Bahia

2017

UNIVERSIDADE FEDERAL DA BAHIA
UNIVERSIDADE ESTADUAL DE FEIRA DE SANTANA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ENSINO, FILOSOFIA
E HISTÓRIA DAS CIÊNCIAS

**VISÕES SOBRE GENES DE PESQUISADORES EM
GENÉTICA, BIOLOGIA MOLECULAR E GENÔMICA EM
DIFERENTES NÍVEIS DE FORMAÇÃO**

Dissertação apresentada ao Programa
de Pós-Graduação em Ensino, Filosofia
e História das Ciências, Área de
Concentração Filosofia das Ciências,
como requisito parcial para a obtenção
do título de Mestre.

Orientador: Prof. Dr. Charbel Niño El-Hani

Co-orientadora: Prof. Dra. Ana Maria Rocha de Almeida

Salvador, Bahia

2017

Universidade Federal da Bahia
Universidade Estadual de Feira de Santana
Programa de Pós-Graduação em Ensino, Filosofia e
História das Ciências

**VISÕES SOBRE GENES DE PESQUISADORES EM
GENÉTICA, BIOLOGIA MOLECULAR E GENÔMICA EM
DIFERENTES NÍVEIS DE FORMAÇÃO**

Leonardo Celin Patiño

Prof. Dr. Luiz Márcio Santos Farias
Coordenador no curso

Salvador, Bahia

2017

Universidade Federal da Bahia
Universidade Estadual de Feira de Santana Programa de
Pós-Graduação em Ensino, Filosofia e História das Ciências

Universidade Federal da Bahia
Universidade Estadual de Feira de Santana
Programa de Pós-Graduação em Ensino, Filosofia e
História das Ciências

Banca examinadora

Prof. Dr. Charbel Niño El-Hani (orientador)
Universidade Federal da Bahia – UFBA

Professora Dra. Ana Maria Rocha de Almeida (Co-orientadora)
California State University, East Bay, U.S. e Universidade Federal da
Bahia - UFBA

Profa. Dra. Fernanda Meghioratti (membro externo)
Universidade Estadual do Oeste do Paraná - UNIOESTE

Profa. Dra. Rosiléia Oliveira de Almeida (membro interno)
Universidade Federal da Bahia - UFBA

Salvador, Bahia

2017

Agradecimentos

Ao meu orientador, Charbel, quem foi para mim como aquele farol que soube me guiar daquele oceano filosófico hegeliano até um porto seguro, e a minha co-orientadora, Ana, pela orientação, dedicação, e imensa paciência na hora de lidar comigo, com as minhas limitações do português e minhas outras muitas deficiências, por elevar um pouco mais meus humildes patamares de visão. Por todo aprendizado que me proporcionaram. Sou muito grato a vocês.

Ao professor Marcos Rodrigues e a professora Maria Fatima Dias Costa, por aceitarem gentilmente participar da banca de defesa da minha qualificação e pelas contribuições a este trabalho.

Ao Programa de Pós-Graduação em Ensino, Filosofia e História das Ciências, pelos dois anos enriquecedores do mestrado.

Aos colegas do Laboratório de Ensino, História e Filosofia de Biologia (LEFHBIO), com quem aprendo, a cada discussão, lições valiosas. Especialmente, agradeço; Vanessa e Neima e Ítalo, que me ajudaram de diversas formas na realização do projeto; e a meus colegas de turma, com quem compartilhei ótimos momentos e “conspirações”, em especial Tasso, Nayara, Rafaela, Hemily e o nosso querido amigo Josebel pelas suas brincadeiras.

À FAPESB, pela concessão da bolsa.

A minha mãe Marlene, que mesmo distante continua me ensinando muito. A meu irmão Franklin que sempre está comigo me apoiando apesar de tudo.

À minha namorada, Claudia, com quem divido não apenas uma vida de amor, mas também todos os desafios e conquistas que se colocam em nossos caminhos. Muito obrigado, por tudo!

Aos meus tios, quase pais Walberto e Cleotilde, e a minhas primas, minhas irmãszinhas, Sorel e Cindy, que desde sempre me apoiaram.

Aos meus amigos e familiares pelo apoio na realização deste trabalho e pela compreensão.

LISTA DE FIGURAS

Capítulo 01	Visões sobre genes numa comunidade de pesquisadores da UFBA	pág.
Figura 01	Questão 1. Distribuição de respostas Opinião: “Quanto mais os cientistas se especializam na genética molecular, mais difícil se torna estar certo sobre o que um gene realmente é”.	27
Figura 02	Questão 2. Distribuição de respostas na questão “Como você entende a relação entre genes e DNA”	29
Figura 03	Questão 3. Distribuição de respostas na questão sobre o trecho do livro Lodish (2003).	31
Figura 04	Questão 4. Distribuição de respostas na questão “Desafios ao conceito de gene” (emenda alternativa)	33
Figura 05	Questão 5. Distribuição de respostas na questão “Desafios ao conceito de gene”. (overlapping)	34
Figura 06	Questão 6. Distribuição de respostas na questão “opinião do trecho apresentados sobre a relação genótipo-fenótipo”	35
Figura 07	Questão 7. Distribuição de respostas na questão “Escolha forçada de alternativas. Conceitos de gene”	36
Figura 08	Questão 8. Distribuição de respostas na questão “Escolha livre de alternativas. Conceitos de gene”	38
Figura 09	Questão 9. Distribuição de respostas na questão “Opinião sobre função genica nas células”.	39
Figura 10	Questão 10. Distribuição de respostas na questão “Opinião sobre função genica na herança”.	41
Figura 11	Questão 11. Distribuição de respostas na questão “Opinião sobre função genica no desenvolvimento”.	43

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

DNA	Deoxyribonucleic Acid; em português: Ácido Desoxirribonucleico.
ENCODE	Encyclopedia of DNA Elements; em português: Enciclopédia dos Elementos do DNA
miRNA	MicroRNA
mRNA	RNA mensageiro
NHGRI	NATIONAL HUMAN GENETICS RESEARCH INSTITUTE
ORF	Open Reading Frame. Em português, Marco Aberto de Leitura.
PGH	Projeto Genoma Humano
RNA	Ribonucleic acid; em português: ácido ribonucleico.
SPSS	Statistical Product and Service Solutions, em português, “Soluções de Produtos e Serviços Estatísticos”
TARs	Regiões Transcricionalmente Ativas

SUMÁRIO

Apresentação	10
Capítulo 1: Visões sobre genes numa comunidade de pesquisadores em Genética, Biologia Molecular e áreas afins	24
1. Introdução	26
2. Materiais e métodos	31
2.1. Amostragem	31
2.2. Coleta de dados	31
2.3. Análise de dados	32
2.3.1. Avaliação de confiabilidade	34
3. Resultados	35
4. Discussão	50
5. Conclusões	60
6. Referências	63
Conclusão Geral	67
Anexos	
Anexo 1 Roteiro da entrevista.	76
Anexo 2 Fórmulas matemáticas e procedimento para o do índice de Krippendorff.	83
Anexo 3 Tabela de relação dos alunos, dos laboratórios e de seus projetos de pesquisa.	86
Anexo 4 Relação (gráfico) dos alunos e sua procedência.	90
Anexo 5 Termo de consentimento livre e esclarecido	91

Apresentação

Minha atuação profissional ao longo dos anos foi voltada as atividades pedagógicas ministrando aulas e acompanhando a vida escolar dos estudantes. Atuo há mais de 15 anos no ensino médio ministrando aulas em Colômbia e tempo depois em Venezuela nas áreas de Biologia e Química. Ao longo dessa trajetória sempre senti a falta de o ensino de ciências voltado para abordagens filosóficas e históricas que fornecessem aos estudantes uma formação integral.

Meu foco de interesse desde que iniciei ministrar minhas aulas na Venezuela foi ao estabelecimento de relações entre o marxismo e a filosofia da ciência e ao desenvolvimento de estratégias para o ensino de biologia. Mas quando cheguei ao Brasil observei que as discussões no âmbito da filosofia da biologia estavam longe de as minhas primeiras aspirações.

Essas observações foram produto das minhas primeiras conversas com o professor Charbel N. El-Hani, que me ajudou muito em adquirir uma visão de primeira linha sobre as pesquisas no âmbito da filosofia da biologia.

Concretamente no que tange ao conceito de gene, a escolha desse tema para a minha pesquisa foi produto das minhas preocupações sobre as abordagens filosóficas e históricas na ciência tendo em conta o caráter central e estruturante para a biologia e para o processo de seu ensino.

A decisão de trabalhar na minha investigação com estudantes estagiários comprometidos em pesquisas em biologia molecular e áreas afins foi uma consequência natural do caminhar das pesquisas sobre conceitos de gene e ideias sobre função gênica nos sistemas vivos no âmbito do Laboratório de História, Filosofia e Ensino de Biologia (LEFH BIO), do qual comecei fazer parte no início de 2015.

Estudos anteriores neste laboratório fizeram um diagnóstico preocupante em relação às principais ideias sobre genes e função gênica encontradas em livros didáticos do ensino (PITOMBO et al. 2008 a, b; FLODIN, 2009 GERICKE & HAGBERG 2007b, 2009; SANTOS & EL-HANI, 2009; SANTOS, GERICKE & HAGBERG, 2010a,b; JOAQUIM & EL-HANI, 2012; EL-HANI et al.2014; GERICKE et

al. 2014; AVELO & UITTO, 2015;) assim como entre estudantes de nível superior de duas Universidades Federais brasileiras (JOAQUIM, 2009; EL-HANI et al. 2014).

A presente dissertação traz os resultados de uma pesquisa feita com a comunidade de pesquisadores (professores e estudantes de graduação e pós-graduação) do Instituto de Biologia da Universidade Federal da Bahia-UFBA, com o intuito de investigar possíveis relações entre o nível de formação no seu processo de aprendizagem e seus entendimentos sobre os conceitos de gene.

Breves considerações sobre o conceito de gene e suas dificuldades

Desde que o termo gene foi introduzido no jargão biológico nos primórdios do século passado, vários significados têm sido atribuídos a este conceito. Apesar de não ter uma definição única, não se pode negar que o conceito de gene tem papel estruturante e unificador na genética (PITOMBO et al. 2008). No entanto, este conceito tem sido objeto de debates: por um lado, há dúvidas persistentes sobre o seu poder explicativo, principalmente depois dos avanços realizados na era pós-genômica, de outro, o modo como os genes são considerados em diferentes discursos sociais, principalmente na mídia (LEITE, 2006), tem sido objeto de preocupação.

O conceito de gene foi introduzido no vocabulário biológico pelo geneticista dinamarquês Wilhelm L. Johannsen, em 1909. A proposta deste termo estava relacionada à busca de uma maneira de distinguir as ideias envolvidas no termo “caráter unitário” de uso corrente pelos geneticistas no início do século XX. Este termo estabelecia uma correspondência entre um traço fenotípico e a presença de um elemento ou fator na célula, ou seja inferia-se daquele fenótipo um genótipo (SCHWARTZ, 2008) de tal maneira que misturava duas ideias; ele se referia a qualquer caráter visível de um organismo que se comportasse como uma unidade indivisível de herança mendeliana (o traço), e, ao mesmo tempo, se referia ao potencial de produzir aquele caráter visível. O sucesso e a grande aceitação do conceito gene estiveram relacionados à diferenciação destes dois fenômenos, que resultou numa distinção não menos importante: a característica fenotípica expressada no fenótipo e o *potencial* de expressão dessa característica.

A partir dessa distinção, Johannsen propôs que o fenótipo, relativo à primeira ideia, seria formado por unidades denominadas “fenes” – termo que nunca veio a ser largamente usado na biologia –, enquanto o genótipo, relativo à última ideia, seria formado por unidades denominadas “genes” (FALK, 1986).

Apesar de ser hoje discutida a relação entre o conceito de “Fator” de Mendel e o conceito de “gene” de Johannsen (FALK, 1986; KAMPOURAKIS, 2013; EL-HANI, 2015, 2016), na literatura histórica e filosófica este conceito de gene tem sido denominado “Conceito Mendeliano”, por referência à genética mendeliana. Como discute Falk (1986), o gene era então entendido como um conceito abstrato de natureza instrumental, uma unidade de para expressar a regularidade da transmissão de caracteres fenotípicos em cruzamentos, sem qualquer hipótese sobre possíveis entidades materiais reais correspondentes a eles.

O “conceito mendeliano” de gene é parte do modelo de função gênica que Gericke e Hagberg (2007), em sua reconstrução de tais modelos com o propósito de fornecer bases para a pesquisa sobre ensino de Genética, denominam modelo “Mendeliano” da função genica. Neste modelo, o gene é entendido como uma unidade básica de herança, uma espécie de fenótipo em miniatura, ou também como um mosaico de “partículas hereditárias” cada uma delas responsável por algum traço fenotípico (GERICKE & HAGBERG, 2007a).

Na década de 1910, a teoria cromossômica da herança foi estabelecida, com contribuições significativas de Thomas Hunt Morgan e outros membros de seu grupo, mesmo que o próprio Morgan tivesse incertezas sobre o caráter real ou instrumental do “gene” (FALK, 1986) A ideia de unidade trazida do caráter unitário de Johannsen consolidou-se nesta época, também visão dos genes como partículas, ou entidades discretas e separadas, herdada da visão mendeliana, permaneceu, principalmente com o desenvolvimento dos mapas de ligação (*Linkage maps*) por Alfred Sturtevant, que tornou possível localizar os genes sequencialmente nos cromossomos, como pontos abstratos num mapa de ligação. (EL-HANI, 2016). Este modo de entender os genes está incluído no modelo de função gênica que Gericke e Hagberg (2007a) denominam modelo “clássico”. Podemos nos referir, assim, a um conceito clássico, de acordo com o qual o gene é concebido como unidade de transmissão, função, mutação e recombinação. A partir dos mapas de ligação, na

qual um gene pode ser localizado numa posição específica no cromossomo, surgiu a metáfora de que os genes estariam dispostos no cromossomo como as contas de um colar (PORTIN, 1993; GERICKE & HAGBERG, 2007b).

Na década de 1940, na esteira da defesa da compreensão por Hermann Muller do gene como entidade material situada no cromossomo e, logo, de uma visão realista sobre este conceito, as bases moleculares da hereditariedade se tornaram um objeto de estudo importante, sobretudo através de estudos que combinavam abordagens genéticas e bioquímicas. Entre estes estudos, podemos destacar aqueles realizados por George Beadle e Edward Tatum com o fungo *Neurospora* (BEADLE & TATUM, 1941). Suas investigações contribuíram para o esclarecimento da relação entre as mutações genéticas e as alterações da função enzimática. Isso forneceu as bases para o modelo de função gênica que Gericke e Hagberg (2007) denominam “Bioquímico-Clássico”, no qual podemos situar o conceito bioquímico-clássico, que explica a função gênica mediante sua redução à relação entre uma enzima específica produzida pelo gene e a determinação de uma característica fenotípica. Ou seja, o gene era concebido como produtor ativo de enzimas.

Após a proposta do modelo da dupla hélice por Watson e Crick, em 1953, o gene passou a ser tratado como unidade estrutural e funcional, atualizando a ideia de unidade da teoria mendeliana de herança (FOGLE, 1990), configurando-se, assim, como um modelo híbrido, no sentido de que mistura duas concepções distintas sobre genes (SANTOS & EL-HANI, 2009). Esta visão levou ao predomínio da visão realista do gene como uma entidade material. O gene passou a ser um segmento contínuo de DNA cuja sequência 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 com localização constante.

A proposta de Crick (1958) da “hipótese da sequência” forneceu as bases para estabelecer a relação entre a estrutura da proteína e a noção do gene, dando origem à noção de gene ligada ao conceito de “informação” que, para ele, era apenas a sequência de nucleotídeos de um ácido nucleico. Desde esse momento da história, o gene foi concebido como uma sequência de nucleotídeos que contém informação específica para gerar proteínas. A denominada “hipótese da sequência” (CRICK, 1958) abriu caminho para largos avanços da biologia molecular nas

décadas de 1950 e 1960, com a elucidação do mecanismo de síntese proteica e do código genético, por exemplo.

Desde então, o gene começou a ser entendido como matéria física e informação simultaneamente, uma substância química e um programa responsável pelos processos biológicos. Esta é uma ideia controversa. A incorporação desse vocabulário “informacional” na Biologia Molecular e Genética, desde a década de 1950, resultou no que Kay (2000) denominou “discurso da informação” (“*information talk*”), marcado pelo uso de termos e expressões como “informação genética”, “código genético”, “sinalização” etc. Genes passaram a ser considerados unidades de estrutura, função e também de informação, o que resultou na “concepção informacional” do gene.

O conceito molecular clássico e a concepção informacional são frequentemente sobrepostos no discurso sobre genes, tanto na comunidade científica, quanto na mídia, na escola e em outros discursos e contextos sociais. Genes são tipicamente vistos como unidades portadoras de informação em sua sequência de bases, transcrita e traduzida para produzir RNAs e polipeptídios, respectivamente (EL-HANI, 2014)

Como discute Griffiths (2001) e El-Hani et al. (2006), o discurso informacional na Biologia Molecular e Genética tem ainda caráter metafórico¹, já que a própria biologia não tem ainda uma teoria da informação biológica largamente aceita que dê conta das dimensões semântica (do significado da informação) e pragmática (da influência do contexto de uso sobre o significado da informação), apesar de ter uma abordagem que dê conta de sua dimensão sintática, baseada na teoria da comunicação de Shannon e Weaver (ver, p. ex., ADAMI, 2004).

A proposta do Dogma Central da Biologia Molecular por Crick (1958) trouxe diversas ideias que até hoje exercem influência, como a de que a informação genética está codificada na sequência de nucleotídeos do DNA e do RNA. De acordo com Keller (2002, p. 54), o Dogma Central da Biologia Molecular trouxe associações problemáticas, como, por exemplo, a do DNA com um programa genético, ou até com um suposto “livro da vida”, parecendo configurar o triunfo do reducionismo molecular na Biologia (FALK, 2014). Contudo, as décadas seguintes e,

¹ É importante assinalar que as metáforas, no entanto, cumprem um papel importante na ciência, na medida em que permitem explicar fenômenos desconhecidos, ainda que também tragam riscos, por exemplo, de analogias injustificadas ou simplificações excessivas (JOAQUIM, 2009).

em especial, o período posterior à decifração do genoma humano (a chamada era “pós-genômica”) viram emergir uma série de dificuldades para este programa reducionista.

A partir do modelo da dupla hélice e de ideias como a do Dogma Central da Biologia Molecular, estabeleceu-se nos anos 1950 um entendimento do gene que tem sido desde então dominante, o do gene como uma sequência bem delimitada de DNA, com começo, fim e localização bem definidos, que codifica um produto funcional *único*, seja uma molécula de RNA ou um produto polipeptídico. Este modo de compreender o gene foi denominada na literatura sobre filosofia da biologia “*conceito molecular clássico do gene*” (NEUMANN-HELD, 1999; GRIFFITHS; NEUMANN-HELD, 1999; STOTZ et al. 2004).

Contudo, nas décadas seguintes, a prática científica foi fornecendo sucessivas evidências sobre as complexidades dos genomas e de suas funções, levando a modificações da compreensão dos genes. O advento de descobertas² como as dos genes intrônicos, dos genes com quadros de leitura sobrepostos, da emenda alternativa, dos genes aninhados, dos transposons, dos pseudogenes etc. desafiaram as ideias centrais do Conceito Molecular Clássico (JOAQUIM & EL HANI, 2010), esses achados questionaram profundamente os seus cimentos em dois sentidos (i) que o gene é uma *unidade* estrutural, possuindo começo e fins bem definidos na fita de DNA (ii) a possibilidade de ter apenas uma *única* função no cromossomo, que seria a produção de um polipeptídio ou molécula de RNA, que por sua vez teria uma única função na célula.

Desde o ponto de vista estrutural, o gene Molecular clássico começou ser questionado com os achados sobre os genes interrompidos, nos anos 1970 (BERGET, MOORE & SHARP, 1977; GELINAS & ROBERTS, 1977) a ideia do gene como unidade discreta no DNA ficou restrita para explicar essas novas complexidades.

Principalmente nos estudos com os eucariotos, mas depois se descobriu que também nas arqueas, os genes não eram nem unidades, nem eram contínuas no cromossomo, as descobertas das regiões codificantes (éxons) que por sua vez eram separadas por regiões não codificantes (íntrons). A estrutura descontínua dos genes

² Com termo “descoberta” nos referimos ao ato de trazer para o mundo do conhecimento científico um fenômeno novo não estudado com anterioridade. Os debates filosóficos na filosofia da ciência ao redor deste termo ver (MATTEWS, 1992) não é considerado neste trabalho.

também permitiu descobrir depois que um gene esteja completamente contido dentro de um íntron de outro gene, ou também permitindo que um gene seja sobreposto a outro na mesma fita sem compartilhar éxon ou elemento regulatório, o fenômeno foi conhecido como genes sobrepostos (*overlapping*) e genes aninhados (*nested genes*).

A existência dos genes intrônicos complica ainda mais a nossa compreensão do Conceito Molecular clássico, no sentido que podem existir genes dentro de regiões intrônicas, com os seus próprios íntrons e éxons (e.g., HENIKOFF et al. 1986; WANG et al. 2000) desvanecendo-se completamente a ideia de unidades como entidades genéticas ao nível estrutural no gene.

Os rearranjos genômicos em células somáticas, geram também produtos gênicos alternativos, isto consiste na utilização de varias regiões de DNA de modo combinatório para gerar uma maior diversidade de produtos gênicos desafiando ainda mais a noção de unidade estrutural do gene molecular.

Funcionalmente a ideia de uma função só no âmbito celular, codificação de uma única proteína ou RNA, também ficou restrita com a descoberta do fenômeno de *emenda* alternativa³. O fenômeno descreve um complexo processo de processamento alternativo na ordenação dos éxons durante o processo de maturação do RNA, gerando mais de uma proteína a partir de uma única sequencia de DNA, o que El-Hani (2007) denomina a quebra correspondências de *um* segmento de DNA para *muitos* RNAs/polipeptídios.

Uma das consequências desse fenômeno é a geração de proteínas funcionais com diferentes propósitos a depender do contexto celular ou supracelular. Por exemplo, Amara e colaboradores (1982) mostraram que o gene da calcitonina/CGRP, que codifica o hormônio calcitonina na glândula tireoide humana, contribui também para a codificação de neuropeptídios vasodilatadores nos humanos, graças à emenda alternativa num contexto celular diferente. (AMARA et al 1982)

Além disso, hoje é conhecido que alguns produtos de emenda alternativa podem exibir quadros de leitura alternados, levando a produtos gênicos que não têm

³ Hoje tem sido estabelecido que mais ou menos 95% de nossos genes são submetidos ao processo de emenda alternativa. Por exemplo, WANG et al. (2008) consideram que este número se situa entre 92 e 94%, enquanto PAN et al. (2008) estimaram que esse fenômeno ocorre em cerca de 95% dos genes humanos que apresentam múltiplos éxons (multiexônicos).

qualquer sequência em comum (e.g., QUELLE et al. 1995), aprofundando o entendimento das complexidades desse fenômeno.

Em definitiva, as anomalias que desafiam o “Conceito Molecular Clássico”, em particular, a ideia do gene como unidade estrutural, funcional e informacional e a uma relação unitária entre gene, produto gênico e função gênica forma organizados por Pardini e Guimarães (1992) e El-Hani (2007), assim:

- I) Correspondências de um-para-muitos entre segmentos de DNA e RNAs/polipeptídios, como, por exemplo, na emenda alternativa de RNAs ou de proteínas;
- II) Correspondência de muitos-para-um entre segmentos de DNA e RNAs/polipeptídios, como nos rearranjos genômicos, a exemplo dos que têm lugar na geração da diversidade de receptores antigênicos de linfócitos;
- III) Ausência de correspondência entre segmentos de DNA e RNAs/polipeptídios, como, por exemplo, na edição de mRNA ou na trans-emenda de RNAs ou de proteínas

Diante desse cenário difícil para o gene, alguns autores têm sugerido a existência de uma crise do conceito de gene (BEURTON, 2000; KELLER, 2000; GRIFFITHS, 2002; LEITE, 2003; EL-HANI, 2007; PABON, 2014). Contudo, poder-se-ia de fato qualificar essa situação como sendo de crise?

NO seguinte quadro mostram-se algumas outras anomalias pelas que atravessa o “Conceito Molecular Clássico” de gene:

Fenômeno	Descrição	Anomalia
LOCALIZAÇÃO E ESTRUTURA GÊNICA Genes intrônicos		Dois genes no mesmo locus
Genes com quadros de leitura sobreposto	Uma região de DNA pode codificar dois produtos proteicos diferentes em diferentes quadros de leitura.	Não há correspondência 1:1 entre DNA e sequência proteica
<i>Enhancers</i> e silenciadores	Elementos regulatórios distantes	Sequências de DNA envolvidas na regulação da expressão gênica podem estar amplamente

<p>VARIAÇÕES ESTRUTURAIS Elementos móveis</p>	<p>O rearranjo do DNA ou <i>splicing</i> em células somáticas resulta em muitos produtos gênicos alternativos.</p>	<p>separadas das regiões que regulam. Portanto, genes não possuem fronteiras claras e se superpõem se houver gene entre silenciador/<i>enhancer</i> e quadro de leitura. Adicionalmente, a relação entre genes e silenciadores/<i>enhancers</i> é de muitos-para-muitos.</p>
<p>Rearranjos gênicos/variantes estruturais</p>	<p>A estrutura gênica pode ser diferente entre indivíduos e prole, e entre células/tecidos.</p>	
<p>ESTRUTURA EPIGENÉTICA E CROMOSSÔMICA</p>	<p>A informação herdada pode não ser baseada na sequência de DNA. A expressão gênica depende da origem (maternal ou paternal) da sequência, entre outros fatores. A estrutura da cromatina, que influencia na expressão gênica, é associada imprecisamente com uma sequência particular de DNA</p>	<p>O fenótipo não é determinado estritamente pelo DNA.</p>
<p>Modificações epigenéticas, <i>imprinting</i></p>	<p>Efeitos da estrutura da cromatina</p>	<p>A sequência de DNA não é suficiente para prever o produto gênico.</p>
<p>EVENTOS PÓSTRANSCRICIONAIS</p>	<p>Um transcrito pode gerar múltiplos RNAs mensageiros, resultando em produtos proteicos diferentes. Sequências de DNA distantes podem codificar transcritos ligados por diferentes combinações.</p>	<p>Múltiplos produtos a partir de um <i>locus</i> genético; a informação no DNA não é linearmente relacionada com aquela da proteína</p>
<p><i>Splicing</i> alternativo de RNA</p>	<p>Trans-<i>splicing</i> de RNA</p>	<p>Uma proteína pode resultar de informações combinadas, codificadas em múltiplos transcritos.</p>
<p>Edição de mRNA</p>	<p>O RNA é enzimaticamente modificado, isto é, enzimas atuam no processo de edição de partes do RNAm</p>	<p>A informação no RNA não é codificada diretamente nas sequências de DNA</p>

EVENTOS PÓSTRADUCIONAIS

<i>Splicing</i> de proteínas	Produtos proteicos se autoclivam e podem gerar produtos funcionais múltiplos	Locais de início e final de sequências proteicas não são determinados pelo código genético
Trans- <i>splicing</i> de proteína	Não só os transcritos, mas também proteínas distintas podem sofrer trans- <i>splicing</i>	Locais de início e final de sequências proteicas não são determinados pelo código genético
Modificação proteica	Proteína é modificada, alterando a estrutura e função do produto final.	A forma e função proteicas finais não são codificadas diretamente no DNA.
PSEUDOGENES E RETROGENES		
Retrogenes	Um retrogene é formado por transcrição reversa e pela inserção de um produto de DNA em um genoma.	Fluxo de informação de RNA para DNA.
Pseudogenes transcritos	O pseudogene é transcrito	Atividade bioquímica de elementos supostamente mortos.

Tabela 01. Fenômenos que representam anomalias em relação ao conceito molecular clássico de gene. Adaptado de Gerstein *et al.* (2007).

O conceito de gene envolve questões complexas e, neste caso particular, podemos dizer que a percepção dos problemas que enfrenta o gene – e que poderiam configurar uma crise – veio de alguns setores mas não de outros na pesquisa genética. A percepção de que o gene tinha se tornado problemático emergiu primeiro da literatura sobre a filosofia da biologia (e.g., KITCHER, 1982; BURIAN, 1985; FALK, 1986; FOGLE, 1990), mas posteriormente dúvidas e preocupações a respeito do conceito foram se espalhando, aparecendo em artigos de natureza empírica (e.g., WANG *et al.* 2000; VENTER *et al.* 2001; KAMPA *et al.* 2004; GINGERAS, 2007), sugerido problemas com as bases conceituais das pesquisas em Genética e Biologia Molecular que eram reconhecidas pela comunidade científica. Isso mostrou um reconhecimento da necessidade de tecer considerações teóricas sobre as perspectivas e os limites do entendimento dominante sobre o conceito de gene em termos moleculares, i.e., do conceito molecular clássico, em artigos que tinham como propósito central relatar resultados experimentais (EL-HANI, 2016)

Na literatura educacional, também apareceram trabalhos que se manifestaram também quanto às dificuldades do conceito de gene, em particular, no

que diz respeito às suas implicações para o ensino de genética, ou seja, para a compreensão acerca do *é* e do que faz um gene na ciência escolar (e.g., GERICKE & HAGBERG, 2007b, 2010a,b; SANTOS, JOAQUIM & EL-HANI, 2012 GERICKE et al. 2014). Nestes trabalhos, um dos principais focos de preocupação é a dificuldade de autores de livros didáticos, professores e estudantes de lidar com os diferentes modelos de função gênica e conceitos de genes construídos ao longo da história da genética, e de seus domínios de aplicação apropriada (e, por extensão, dos possíveis problemas de aplicação inapropriada destes modelos e conceitos).

Como argumenta El-Hani (2014, p. 62), uma característica do conceito de gene é a sua variação conceitual, entendida como o espectro de significados diferentes atribuídos a um conceito, seja ao longo da história de uma ciência, seja num mesmo período, mediante uso de distintos conceitos em distintos contextos de aplicação.

Para alguns autores essa variação tem sido heurísticamente útil na história da genética, (KITCHER, 1982; BURIAN, 1985, 2002; FALK, 1986; GRIFFITHS & NEUMANN-HELD, 1999; STOTZ et al. 2004), no sentido que não é desejável ou necessário um único conceito de gene, uma vez que esses conceitos e modelos diferentes são úteis em diferentes áreas da biologia com diferentes compromissos epistêmicos e práticos.

Contudo essa variação conceitual pode trazer problemas e confusões semânticas ou ambiguidades, Ou seja, pode haver incomensurabilidade semântica entre conceitos e modelos, de tal modo que, quando são combinados, podem resultar inconsistências lógicas ou conceituais. Dai que pesquisadores como Falk, (1986) e (Scherrer & Jost, 2007a,b) vejam na atribuição de muitos significados ao conceito de gene a raiz de grande parte de seus problemas. Por exemplo, o termo “gene” usado na genética de populações é um conceito instrumental, que os concebe como determinantes de diferenças fenotípicas, (abstraindo toda a complexidade da relação entre genótipo, desenvolvimento e fenótipo) os Biólogos moleculares por sua vez, concentra-se nas interações moleculares enfatizando a natureza estrutural dos genes no DNA e seus produtos e interações moleculares, enfatizando a natureza estrutural dos genes e seus papéis nos sistemas celulares dos quais são parte.

Pesquisadores como Falk (2000) e Rheinberger (2000), tentaram resolver essas dificuldades, mas com abordagens diferentes. Falk propôs um conceito de gene “operacional genérico”, de uma perspectiva filosófica na qual os sistemas vivos são considerados essencialmente “complexos e interativos”, sendo o gene uma “entidade funcional”, um derivado da reprodução como processo básico da matéria viva. Não seria correto, então, considerá-lo uma unidade estrutural, evitando este entendimento reducionista. (FALK, 2000, p. 340). Nesse sentido, o gene poderia ser definido pelos interesses do pesquisador individual (FALK, 1986, p. 169). Rheinberger (1997), por sua vez, interpretou os genes como “objetos epistêmicos”, entidades introduzidas e nomeadas como alvos de pesquisa, para as quais significados são construídos à luz de um conjunto interrelacionado e complexo de práticas epistêmicas.

Apesar das dificuldades que têm levado uma série de autores a proporem haver uma crise do conceito de gene, não devemos perder de vista que, em alguns campos de pesquisa que lidam com genes, parece não haver qualquer crise desse conceito.

Por exemplo, na literatura existente sobre os estudos de associação genômica ampla (*genome-wide association studies*), segundo El-Hani (2016), não se encontram elementos que refletem algum tipo de discussão sobre dificuldades práticas com o conceito de gene, mesmo quando trabalham com fenótipos complexos como os estudos de Pirastu et al. (2016) que trabalho com “genes associados a gostos alimentares comuns” e os estudos de Waltes, Chiocchetti e Freitag (2016) que tentam demonstrar “os determinantes” genéticos da agressividade humana.

Diante das dificuldades enfrentadas pelo conceito de gene, alguns autores têm se dedicado à investigação sobre sua abordagem no contexto educacional, por exemplo, em livros didáticos (e.g., PITOMBO et. al. 2008 a, b; FLODIN, 2009; GERICKE E HAGBERG 2007b, 2009; SANTOS & EL-HANI, 2009; SANTOS, GERICKE & HAGBERG, 2010a; GERICKE & HAGBERG, 2010B; JOAQUIM & EL-HANI, 2012; EL-HANI et al 2014; GERICKE et al. 2014; AVELO & UITTO, 2015;), ou na prática pedagógica em sala de aula (e.g., GERICKE & HAGBERG, 2013; GERICKE, HAGBERG & JORDE, 2013. Encontramos também estudos sobre as

visões de pesquisadores de diferentes campos da Genética e Biologia Molecular sobre genes (STOTZ, GRIFFITHS & KNIGHT, 2004). Identificamos, contudo, a necessidade de mais estudos sobre a abordagem do conceito de gene em sala de aula e de mais investigações sobre sua compreensão por comunidades de pesquisadores em biologia molecular, genética e áreas afins. Estes foram os objetivos do projeto do qual resulta esta dissertação.

Objetivos da pesquisa

Numa primeira etapa do projeto, investigamos os entendimentos sobre genes e suas funções numa comunidade de pesquisadores de uma universidade federal brasileira (UFBA), incluindo estudantes de graduação, pós-graduação e pesquisadores dedicados a estudos nos campos da Biologia Molecular, Genética e áreas afins. Em particular, buscamos testar a hipótese de que maior conhecimento sobre Genética, Biologia Molecular e áreas afins, como a Genômica, implica uma visão mais crítica sobre o conceito de gene. Esta hipótese parte da possibilidade de que, de um lado, estudantes de graduação, mesmo sendo estagiários de laboratórios de Genética, Biologia Molecular e Genômica, sejam mais influenciados por conceitos usados com frequência em livros didáticos, como o conceito molecular clássico. Por sua vez, os pós-graduandos poderiam apresentar entendimentos sobre genes mais influenciados pelo conhecimento resultante das suas práticas de pesquisa, embora ainda com influência dos conceitos aprendidos nos livros didáticos. Por fim, professores poderiam apresentar visões mais sofisticadas sobre genes, não se atendo na mesma medida aos conceitos apresentados nos livros e incluindo em seu discurso nuances dos desafios enfrentados pelo conceito de gene no contexto contemporâneo.

Por que formato *Artigo*?

Uma dissertação tem por objetivo fundamental formar ao pesquisador, mas também promover a difusão da pesquisa na comunidade científica ou de pesquisadores numa área específica. Contudo, segundo Duke & Beck (1999), o formato tradicional apresenta falhas nestes dois elementos, pois sua eficiência é pobre na disseminação do conhecimento produzido ficando restrito a pequenos grupos de pessoas da área, mas afastado das opiniões dos setores mais amplos da população interessada nesses conhecimentos. Além disso, precisa se adaptar a

outros formatos para cumprir esses objetivos, mas não treina o pesquisador a trabalhar em formatos de artigos científicos que são mais comuns ao seu cotidiano e sua futura prática Profissional.

Nesse sentido, o presente trabalho será apresentado na forma de múltiplos artigos (DUKE & BECK, 1999) ou *multipaper*. As vantagens deste tipo de formato é que permite a apresentação de artigos entrelaçados numa mesma temática ou num mesmo problema de pesquisa, aumentando assim a possibilidade de comunicação ao público interessado, neste formato cada capítulo da dissertação constitui-se num artigo com relativa independência, já que apresenta seu próprio resumo, introdução, revisão de literatura, materiais e métodos, resultados e conclusões e referências bibliográficas, o que facilita a sua publicação por separado.

Optamos pela apresentação neste tipo de formato por acreditar que coadjuva ao meu desenvolvimento profissional como futuro pesquisador já que a escrita de artigos precisa de certas capacidades e técnicas na apresentação das ideias aos futuros leitores, como a capacidade de síntese que, segundo Duke & Beck (1999) é outra das vantagens deste tipo de formato, os normalmente são mais artigos curtos (em comparação com a dissertação monográfica) o que facilita a leitura por parte dos interessados no assunto, neste caso os professores e alunos do ensino superior na área de Genética, Biologia Molecular e áreas afins.

No entanto suas vantagens, este tipo de formatos apresenta também desvantagens que é necessário pontuar. Por exemplo, a repetição de informações, argumentos e referências é consequência natural de trabalhar numa área específica do conhecimento além de que as pesquisas visam responder um ou máximo duas perguntas de investigação o que obriga a dialogar o tempo todo com as mesmas referências na busca de resolver ou contribuir nas lacunas que vão ficando ao longo do percurso investigativo.

Essa repetição continua acaba ocupando espaços que poderiam utilizar-se de melhor maneira e acabam ficando implícitas no artigo ou pobremente apresentadas na introdução, no caso da presente pesquisa, os processos de avaliação de confiabilidade na qual foram usadas complicadas fórmulas matemáticas aparentemente é difícil conceber para pesquisas qualitativas, ficaram sem desenvolvimentos o que a meu modo de ver pode se constituir numa desvantagem.

A presente dissertação está constituída por essa apresentação em forma de artigo que relata a pesquisa desenvolvida e por uma conclusão geral. O primeiro artigo ou capítulo relata a pesquisa com a comunidade de pesquisadores numa Universidade federal brasileira em Genética e Biologia Molecular e áreas afins e suas concepções sobre genes.

No segundo artigo abordaremos os resultados obtidos na observação na sala de aula em relação aos conceitos de gene, maiormente utilizados na disciplina ao longo do semestre letivo e uma conclusão geral onde são apresentadas as principais aprendizagens sobre o assunto pesquisado e sobre o processo geral da pesquisa.

No entanto nosso trabalho teve duas partes, na qual um delas foi descrito no artigo apresentado para a defesa, a outra, feita na sala de aula, não foi apresentada para discussão neste trabalho de dissertação, pois faltou o tempo necessário para apresentar um artigo de qualidade pra ser avaliado por a banca. Os dados, já analisados, validados e analisados, ficaram para um artigo que será apresentado depois.

CAPITULO I

Visões sobre genes numa comunidade de pesquisadores em Genética, Biologia Molecular e áreas afins

Resumo

Na segunda metade do século XX, a compreensão do gene foi determinada, em grande medida, por um entendimento molecular expresso no que tem sido denominado, na literatura de filosofia da biologia, “conceito molecular clássico”. De acordo com esse conceito, um gene é uma sequência bem delimitada de DNA, com começo, fim e localização bem definidos, que codifica um produto funcional *único*, seja uma molécula de RNA ou um produto polipeptídico. No entanto, hoje este conceito enfrenta uma série de desafios, o que tem levado alguns autores se referir a uma crise do conceito de gene. Minimamente, este conceito tem enfrentado problemas que justificam a investigação de seu entendimento em diferentes contextos, inclusive pela comunidade científica. Assim, investigamos no presente estudo como genes são entendidos por uma comunidade de pesquisadores dedicados a Biologia Molecular e Genômica, incluindo estagiários de iniciação científica, pós-graduandos e professores, com o intuito de analisar em que medida eles estão comprometidos com o conceito molecular clássico, se outros modos de compreender gene estão presentes em suas visões e, em particular, de testar a hipótese de que quanto maior o nível de formação sobre genética, biologia molecular e áreas afins, maior a compreensão dos limites do conceito molecular clássico e a presença de uma diversidade de entendimentos sobre os genes. Os resultados obtidos numa análise de 53 entrevistas semiestruturadas mostraram que visões sobre genes desafiadas por achados das três últimas décadas, como os conceitos “informacional” e “molecular clássico”, estão fortemente presentes nos discursos dos alunos de graduação e pós-graduação. Os professores, por sua vez inclinaram-se por conceitos contemporâneos e processuais mostrando um entendimento uma relação direta entre o seu nível de formação e seu entendimento sobre os genes. No entanto os resultados mostraram também alguns discursos não contemplados na nossa hipótese como algumas respostas diferenciadas dos estudantes de graduação em relação aos pós-graduandos, no sentido de algumas abordagens

mais críticas sobre o conceito de gene do que os estudantes de pós-graduação, que mostraram dificuldades em enxergar os seus desafios. O que sugere que seria importante a inclusão, na educação científica de nível superior, de uma abordagem mais atualizada a respeito dos genes e de seus papéis nos sistemas vivos assim como abordagens filosóficas e históricas na ciência.

Palavras-chave: Gene; Função gênica; Visões de pesquisadores; Ensino de Genética, Biologia Molecular e Genômica.

Abstract:

In the second half of the twentieth century, the understanding of the gene was determined to a large extent by a molecular understanding expressed in what has been called, in the philosophy of biology literature, "classical molecular concept." According to this concept, a gene is a well-delimited sequence of DNA, with well defined beginning, end and location, encoding a single functional product, either an RNA molecule or a polypeptide product. However, today this concept faces a number of challenges, which has led some authors to refer to a crisis of the concept of gene. Minimally, this concept has faced problems that justify the investigation of its understanding in different contexts, including by the scientific community. Thus, we investigated in the present study how genes are understood by a community of researchers dedicated to Molecular and Genomic Biology, including scientific initiation trainees, post-graduate students and teachers, in order to analyze to what extent they are committed to the classic molecular concept. If other ways of understanding gene are present in their views and in particular to test the hypothesis that the higher the level of training on genetics, molecular biology and related fields, the greater the understanding of the limits of the classical molecular concept and the presence of genes. The results obtained in an analysis of 53 semi-structured interviews showed that views on genes challenged by findings of the last three decades, such as the "informational" and "classical molecular" concepts, are strongly present in undergraduate and graduate student discourses. Teachers in turn leaned toward contemporary and procedural concepts showing an understanding a direct relationship between their level of training and their understanding of genes.

However, the results also showed some discourses not considered in our hypothesis as some differentiated answers of undergraduate students in relation to the graduate students, towards some more critical approaches to the concept of gene than the postgraduate students, who Difficulties in seeing their challenges. This suggests that it would be important to include in higher education scientific education a more up-to-date approach to genes and their roles in living systems as well as philosophical and historical approaches in science.

Keywords: Genes; Gene function; Researchers' views; Genetics, Molecular Biology, and Genomics teaching.

1. Introdução

O avanço da Biologia envolve, como em qualquer ciência, debates sobre problemas e conceitos-chave mobilizados na prática científica, como exemplificam as polêmicas sobre conceitos como os de adaptação, espécie e herança. Assim, não devem causar espanto os intensos debates sobre o conceito de gene nas últimas décadas (ver, p. ex., FALK, 1986, 2014; FOGLE, 1990, 2000; GRIFFITHS, NEUMANN-HELD, 1999; MOSS, 2001, 2003; KELLER, 2002, 2005; LEITE, 2006; EL-HANI, 2007).

O conceito de gene foi introduzido por Wilhelm L. Johannsen em 1909, a partir da distinção entre genótipo e fenótipo, proposta por ele mesmo um ano antes. Desse modo, Johannsen diferenciou duas ideias então misturadas na Genética nascente (KELLER, 2000; EL-HANI, 2007; SCHWARTZ, 2008), as de i) um caráter manifesto de um organismo que se comportava como uma unidade indivisível de herança mendeliana e, por implicação, e ii) da existência de algo na célula germinativa que produziria o caráter manifesto. Desse modo, ele introduziu uma diferenciação, não menos importante, entre o *potencial* de expressão de uma característica e a *própria* característica. Para este autor, assim como para a grande maioria dos geneticistas clássicos, 'gene' era um conceito abstrato útil para a compreensão de regularidades na transmissão de características fenotípicas, mas sem um correlato material claro, ou seja, o gene era então entendido de modo instrumentalista (FALK, 1986).

Foi somente com a proposta do modelo da dupla hélice por Watson e Crick, em 1953, que uma visão realista se estabeleceu e o gene passou a ser entendido como unidade estrutural e funcional encontrada no DNA (JOAQUIM & EL-HANI, 2010), atualizando a ideia do gene como unidade, aceito desde a Genética Clássica (FOGLE, 1990). Com a introdução de um vocabulário informacional na Biologia Molecular, os genes passaram a ser considerados também como unidades informacionais (KELLER, 2002, p. 80). No entanto, em muitos casos, o uso de metáforas informacionais para explicação dos processos genéticos se mostrou problemático, por favorecer visões deterministas sobre o papel do DNA nos sistemas vivos, nas quais ele é tratado como controlador do metabolismo celular ou portador de programas de desenvolvimento, perdendo-se de vista a complexidade dos processos desenvolvimentais, nos quais fatores genéticos, epigenéticos e ambientais interagem de forma não-aditiva (EL-HANI, 2014).

Em associação aos variados conceitos de gene presentes no discurso da Genética e Biologia Molecular, e com o intuito de fornecer bases para a pesquisa sobre ensino de Genética, Gericke e Hagberg (2007) descreveram vários modelos de função gênica. Esses modelos associam ideias do que são os genes, ou seja, conceitos de genes, a ideias a respeito do que os genes fazem, ou seja, da função desses genes. Esses modelos foram discutidos subsequentemente por outros autores (SANTOS, JOAQUIM, EL-HANI, 2012; MEYER, BOMFIM, EL-HANI, 2013; GERICKE & HAGBERG, 2014), que propuseram modificações. Estes modelos de função gênica e conceitos de gene foram utilizados no presente estudo, sendo apresentados na Tabela 1.

Quadro 1 Modelos de função gênica e conceitos de gene utilizados nesse trabalho, como bases para a interpretação das declarações dos pesquisadores (De Gericke & Hagberg, 2007a, modificado por Santos et al., 2012; Gericke et al., 2014). Uma categoria adicional foi introduzida no presente trabalho, “percepção do problema”, sem fórmulação clara de qualquer conceito de gene ou ideia sobre função gênica. (Tabela elaborada pelos autores).

Modelos de função gênica	Conceitos de gene	Breve descrição da função
Modelo Mendeliano	Gene Mendeliano – gene como unidade de transmissão ou herança	Transmitir características hereditárias
	Gene-P – gene como determinante de diferenças fenotípicas	Causar ou determinar diferenças fenotípicas
Modelo molecular-informacional	Gene molecular clássico – gene como unidade estrutural e funcional no DNA, sequência de nucleotídeos contínua, com começo e fim bem definidos	Codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs
	Concepção informacional – gene como unidade informacional ou mensagem única no DNA	Programar ou instruir função celular ou desenvolvimento
Situação atual do conceito: “gene em fluxo”	Gene-D – gene como recurso desenvolvimental, em paridade causal com outros recursos	Propiciar recursos para o desenvolvimento
	Gene contemporâneo - gene como sequência de DNA correspondente a uma norma de reação única de produtos gênicos através de várias condições celulares	Originar mais de um produto, interrompido ou não, ainda atuando como unidade de transcrição.
	Gene processual – gene	Atuar como processo

	como todo o processo molecular subjacente à capacidade de expressar um produto particular	recorrente que conduz a expressão regulada espacial e temporalmente de um produto particular
Outros	Outros conceitos	Agir como unidade de seleção etc.
	Percepção do problema	Sem formulação clara de qualquer conceito de gene ou ideia sobre função gênica

Desafios ao conceito de gene

Descobertas como as de genes interrompidos, emenda alternativa, genes aninhados, transposons e pseudogenes desafiaram as ideias centrais do conceito molecular clássico de gene (JOAQUIM & EL HANI, 2010), por colocarem em xeque as interpretações de que: (i) um gene seria uma unidade estrutural possuindo começo e fim bem definidos no cromossoma; (ii) e teria uma função única, sendo responsável pela produção de um polipeptídio ou molécula de RNA, à qual se poderia atribuir uma única função no contexto celular.

Em termos estruturais, podemos observar que, desde o achado de que genes em eucariotos são, muitas vezes, interrompidos, no final dos anos 1970, por Richard Roberts e Phillip Sharp (GELINAS & ROBERTS, 1977) (posteriormente descobriu-se que genes interrompidos também estão presentes em arqueas), a ideia do gene como uma unidade estrutural começou a ser desafiada. Tornou-se evidente, então, que os genes não eram necessariamente unidades contínuas nos cromossomos, frequentemente possuindo regiões codificantes (que foram chamadas de éxons) separadas por regiões não codificantes (íntrons). Pesquisadores importantes, como Gilbert (1978), chegaram a postular que a máxima “*um gene-um polipeptídio*” teria desaparecido. (GILBERT, 1978)

Quanto ao aspecto funcional, podemos dizer que o conceito de gene também enfrenta problemas importantes. Um deles é o fenômeno da emenda

alternativa, que consiste no processamento alternativo de regiões codificantes e não codificantes durante o processo de maturação do RNA, gerando mais de RNA mensageiro maduro, com diferentes combinações de éxons, e, assim, mais de uma proteína a partir de uma única sequência de DNA e, além disso, tornando indefinido se uma região específica do DNA é um éxon ou um íntron (já que a mesma sequência pode ser um trecho de éxon incluído num RNAm maduro, ou pode ser excisado como um trecho de íntron). A consequência mais séria desse processo reside na quebra de uma correspondência direta entre sequências de nucleotídeos no DNA e sequências de aminoácidos nas proteínas (PABÓN, 2014, p. 204). O resultado final da emenda alternativa é a possibilidade de produção de proteínas distintas, que podem ter distintas funções (muitas vezes, mas nem sempre relacionadas), a partir de uma mesma região do DNA.

Outra dificuldade para a compreensão funcional do gene decorre do fato de que a ação dos produtos gênicos é fortemente dependente dos contextos celulares e supracelulares (*e.g.*, MARSHAL *et. al.*, 1986). Amara e colaboradores (1982) observaram, por exemplo, que o gene que contribui para a produção do hormônio calcitonina na glândula tireóide, o gene CGRP, também contribui para codificação de um produto completamente diferente - um neuropeptídeo - quando é emendado de forma alternativa no hipotálamo (KAMPOURAKIS, 2013, p. 642). Hoje sabemos que quase a totalidade do genoma humano sofre emenda alternativa, com estimativas variando de 92 a 95% do genoma sujeitos a emenda alternativa (WANG, *et. al.*, 2008; PAN, *et. al.*, 2008).

No que diz respeito à complexidade dos mecanismos de expressão gênica, as descobertas de uma diversidade de RNAs funcionais não codificantes, com importantes papéis na regulação gênica, a exemplo dos microRNAs, têm dificultado ainda mais a compreensão dos genes e da organização funcional do genoma, tornando cada vez mais complicado distinguir regiões gênicas e intergênicas (OLIVEIRA & PACHECO, 2012). Além disso, os RNAs regulatórios enfatizam a dependência que a função gênica tem em relação ao contexto celular, o que desafia não só a compreensão usual dos genes, mas também interpretações comuns sobre seu papel nas células.

Diante dessas descobertas, a comunidade científica reagiu de diversas formas, sendo encontradas desde propostas de abandono do conceito (PORTIN, 1993; KELLER, 2000, 2005) até reações mais positivas, que defendem a manutenção do conceito de gene, embora ressignificado de maneira mais ou menos radical (KELLER, 2005; EL-HANI, 2016).

Não obstante, em certos campos da pesquisa em Genética, Biologia Molecular e Genômica, as práticas de produção de conhecimento não têm se deparado com dificuldades relativas ao conceito de gene. Isso é devido ao papel dos genes em tais práticas, como construções epistêmicas às quais são atribuídos significados distintos pelas diferentes comunidades científicas como alvos de pesquisa, ajustados a determinadas práticas epistêmicas de tal maneira que dificuldades conceituais como aquelas enfrentadas pelo gene molecular, e discutidas acima, pouco ou nada os afetam, a não ser que as próprias práticas venham a se mostrar falhas ou limitadas (EL-HANI, 2014).

Mesmo se a prática científica não enfrentasse quaisquer dificuldades relativas ao conceito de gene, sua circulação em outros meios, a exemplo da escola e da mídia, refletiria o problema do gene, por não estabilizarem o significado desse conceito em termos de práticas epistêmicas nas quais ele apareça como alvo de pesquisa definido sob medida, bem como por seu papel na legitimação de discursos sociais caracterizados por visões deterministas e reducionistas sobre o papel dos genes nos sistemas vivos. Esses discursos se mostram incompatíveis com o conhecimento biológico atual e podem legitimar desigualdades sociais e certos comportamentos e crenças perigosas para a vida em sociedade (LEWONTIN, 1993; LEITE 2006).

Diante das dificuldades do conceito de gene e de seu papel em discursos sociais de central importância no mundo contemporâneo, é importante investigar se um maior conhecimento sobre Genética, Biologia Molecular e Genômica, como se pode almejar na educação científica, implica uma visão mais crítica sobre o conceito de gene. O presente estudo busca investigar como genes são entendidos por pesquisadores de uma comunidade científica dedicada a estas áreas numa universidade federal brasileira, incluindo estagiários de iniciação científica, pós-graduandos e professores, com o intuito de analisar em que medida eles estão comprometidos com o conceito molecular clássico, se outros modos de compreender

gene estão presentes em suas visões e, em particular, testar a hipótese acima. Para tanto, investigaremos se o reconhecimento das dificuldades de conceitos como o molecular clássico e o conhecimento sobre interpretações alternativas sobre genes aumentam com o nível de formação de pesquisadores das áreas de Genética, Biologia Molecular e Genômica.

2. Métodos

2.1. Contexto do estudo

O objetivo desta pesquisa foi investigar a compreensão do conceito de gene e as ideias sobre função gênica de estudantes estagiários de laboratórios de Biologia Molecular e Genômica e de pesquisadores dessas áreas numa Universidade Federal brasileira. Foram selecionados três grupos para o estudo: (1) alunos da graduação de diferentes cursos (Ciências Biológicas, Medicina Veterinária, Farmácia, Biotecnologia, Licenciatura em Ciências Biológicas) envolvidos em projetos de iniciação científica relacionados à Genética, Biologia Molecular e/ou Genômica; (2) estudantes de pós-graduação (mestrado e doutorado) de diferentes programas (de Genética e Biodiversidade e de Ecologia e Biomonitoramento, no caso dos estudantes de Mestrado; e de Botânica, de Medicina Veterinária e de Biologia Molecular, no caso dos alunos de doutorado) realizando projetos nessas áreas; e (3) pesquisadores em atuação nas áreas de Genética, Biologia Molecular e Genômica. Em total foram entrevistados 19 estudantes de graduação, 20 estudantes de pós-graduação (13 de mestrados e 7 doutorandos) e 14 professores, num total de 53 pessoas entrevistadas.

2.2. Coleta de dados

Foi utilizado a entrevista como ferramenta de coleta de dados, desenhamos o roteiro adaptando o questionário utilizado nas pesquisas de Joaquim (2009) e Meyer (2010) ficando um roteiro com 13⁴ questões semiestruturadas e duas questões estruturadas (7) e (8), relacionadas ao conceito de gene, as suas funções e os desafios enfrentados pelo conceito molecular clássico. (ver anexo 1). Isso não

⁴ No análise dos dados foram eliminadas duas questões (6) e (13) porque as respostas dos entrevistados não ajustava-se aos requerimentos da pesquisa. Isto é, obter pareceres sobre os conceitos de genes e modelos sobre função genica nas diferentes perguntas na entrevista.

excluía, contudo, a possibilidade de o entrevistado tratar de outros temas, já que este tipo de entrevista permite tal procedimento (LICHTMAN, 2010).

O roteiro da entrevista incluía, numa primeira parte, perguntas sobre dados pessoais do entrevistado, as quais, além de fornecer algumas informações sobre o entrevistado que podiam ser usadas no estudo, também cumpriam o papel de criar uma aproximação e ganhar confiança do entrevistado. A segunda parte consistia na entrevista propriamente dita, orientada por um roteiro de perguntas que visavam obter respostas do entrevistado sobre genes e função gênica. Por exemplo, uma pergunta do roteiro era: “Como você entende a relação entre genes e o DNA?”. Como outro exemplo, podemos citar: “Quais as funções dos genes nas células?”. Em outras questões do roteiro, eram apresentadas aos entrevistados imagens sobre dois desafios ao conceito de gene, a emenda alternativa e os genes sobrepostos, sondando-se se o entrevistado entendia as implicações conceituais desses fenômenos e os desafios que representam para o modo dominante de compreensão do gene na segunda metade do século XX, o conceito molecular clássico. Também apresentamos aos entrevistados alguns trechos de livros, com o intuito de levantar suas visões sobre genes e função gênica a partir de sua concordância ou discordância desses trechos. Por fim, algumas questões do roteiro apresentavam aos entrevistados diversas afirmações sobre o que são os genes, diante das quais eles deviam se pronunciar a respeito de sua maior ou menor concordância, sendo exigido inicialmente que escolhesse somente uma visão (escolha forçada), e posteriormente permitindo que escolhessem todas as afirmações com as quais concordava (escolha livre). O roteiro completo se encontra no Anexo 1.

No processo de análise das entrevistas 2 questões não apresentaram as respostas que estávamos procurando. A questão 06 sobre anotação genica, apresentamos uma imagem que resultou ser muito complexa para a maioria dos alunos entrevistados, pelo que as informações nessa pergunta foram pobres como “não sei” além de respostas pouco claras quando foram respondidas. A outra pergunta não analisada foi a 13 que perguntava sobre regulação genica, ela mobilizou respostas sobre o fenômeno da regulação genica, mas não sobre questões sobre seu papel no processo de caracterizar o gene.

2.3. Análise dos dados

As entrevistas foram transcritas e os transcritos foram submetidos a análise categórica (BARDIN, 2000). As respostas foram categorizadas e analisadas tanto qualitativa, com base no seu conteúdo, quanto quantitativamente, enumerando-se as respostas de acordo com a frequência das categorias trabalhadas. As categorias emergiram por um processo indutivo, ao longo da análise das respostas dos entrevistados. Trechos selecionados das falas dos entrevistados que tratavam de genes e/ou função gênica foram analisados qualitativamente, com base na literatura científica, histórica e filosófica sobre conceitos de gene e ideias sobre função gênica, utilizando-se categorias apresentadas na Tabela 1. Além disso, novas categorias podiam ser derivadas dos dados indutivamente, a exemplo da categoria “percepção do problema, sem formulação clara de qualquer conceito de gene ou ideia sobre função gênica”. A partir das categorias identificadas, foi obtida a frequência de ocorrência de diversas concepções sobre genes e modelos de função gênica entre os entrevistados.

No caso das questões que apresentavam imagens relacionadas com desafios ao conceito molecular clássico, as seguintes categorias foram obtidas indutivamente: (a) reconhece a importância da **não** correspondência entre sequência gênica, produto gênico e função gênica, percebendo, portanto, os desafios ao conceito molecular clássico; (b) reconhece a importância geral dos fenômenos apresentados, mas sem reconhecimento explícito dos desafios ao conceito molecular clássico; (c) **não** percebe dificuldades para o conceito molecular clássico nas imagens apresentadas, pelo fato de que considerar que este conceito já foi superado⁵; (d) **não** percebe dificuldades para o conceito molecular clássico, mantendo-se comprometido com ele; (e) respostas incompreensíveis, ausentes etc.

Nas questões 3 e 6 perguntou-se aos entrevistados se concordavam ou discordavam, parcial ou completamente ou se mesmo não tinham opinião formada no assunto. Assim as categorias que usamos neste trabalho foram: “concordo plenamente”, “Concordo parcialmente” “nem concordo nem discordo” “discordo plenamente”.

⁵ Consideramos que o conceito molecular clássico estaria superado para o entrevistado, quando ele reconhecia em seu discurso como processos genéticos normais emenda alternativa, edição pós-transcricional, genes superpostos, não enxergando, por isso, dificuldades conceituais nesses fenômenos.

Para apresentação no presente trabalho as opiniões dos entrevistados, tendo em conta o compromisso assinado no termo livre, construímos para cada nome da pessoa entrevistada uma sigla, constituída em primeiro lugar pela ordem em que foi sucedida a entrevista, seguido das iniciais da palavra entrevista e no final o seu nível de formação, GR (graduação), PG (pós-graduação) MT ou DR caso sejam de mestrado ou doutorado, assim: (16.EN.GR) o numero (16.EN) corresponde à ordem em que foi entrevistada e as iniciais (GR) equivale ao nível de estudo dessa pessoa, neste caso graduação.

2.4. Avaliação de confiabilidade

A análise dos dados foi feita de maneira independente por dois pesquisadores, para permitir uma análise de sua confiabilidade. A partir dos resultados da categorização, foi calculada a taxa de concordância Kappa-Cohen (k), que proporciona uma análise mais robusta de confiabilidade entre pesquisadores do que o simples da frequência de concordância (VIERA & GARRETT, 2004). Utilizamos ainda o índice de Krippendorff (α), que melhora os s matemáticos do índice Kappa-Cohen, na medida em que utiliza uma matriz de contingência distinta já que têm em consideração outras variáveis não contempladas por Kappa-Cohen, como numero de categorias e o tamanho da mostra. Segundo Krippendorff (2004, p. 248) Kappa (k) presta mais atenção com os dois observadores individuais, não com a quantidade dos dados que estão observando, que é na verdade o principal foco das preocupações na análise confiabilidade.

Segundo Krippendorff (2004, p.248) matematicamente as diferencias são as seguintes:

Para uma matriz estimada:

$$\begin{array}{cc|cc|c}
 & 0 & 1 & & \\
 0 & a & b & p_B & \\
 1 & c & d & q_B & \\
 \hline
 & p_A & q_A & & 1
 \end{array}$$

Corresponde-se duas fórmulas diferentes:

$$\text{Krippendorff (1970a)} \quad \alpha = 1 - \frac{n-1}{n} (b + c) / 2\bar{p} \bar{q}$$

Cohen (1960)
$$k = 1 - (b + c) / (p_A q_B + p_B q_A)$$

Onde o numero 1 é a probabilidade lógica de 0 ou 1; \bar{p} e $\bar{q} = (1 - \bar{p})$ são estimativas populacionais; $n = 2r =$ número total de valores utilizados conjuntamente pelos dois observadores; E $(n - 1) / n$ corrige a para pequenos tamanhos de amostra. Vemos que os algoritmos matemáticos são diferentes, claramente observamos que Kappa (k) não tem em conta a população dos dados, o que tem repercussão na avaliação de confiabilidade. (KRIPPENDORFF, 2004, p. 258)

No processo de cálculo do valor da taxa de concordância Kappa-Cohen, foi utilizado o programa (software) estatístico SPSS®, por tal sentido não vamos explica-lo. No entanto, para o valor da taxa de concordância de Krippendorff, por não ter programa que faça esse tipo de cálculo procedemos calcula-lo na forma manual.

Nesse sentido, para o cálculo com o algoritmo de Krippendorff, quando já se tem a tabela com as concordâncias simples, se procede a construir a matriz de observação coincidente⁶, que é a soma da matriz de contingência com a sua transposta, ou seja, há que construir uma matriz dupla (KRIPPENDORF, 2004a, p. 228).

Depois disso segundo Krippendorff, são aplicadas as seguintes fórmulas para obter o índice de coincidência esperada e o índice de coincidência observada, assim:

$$e_{aa} = \frac{n_a(n_a-1)}{n-1} \quad e_{bc} = n_a * \frac{n_b}{n-1}$$

Após desse cálculo, é aplicado a fórmula seguinte para obter o índice de krippendorff, que seria a somatória do índice da diagonal da matriz observada com o índice da matriz esperada, dividida pela somatória do n menos o índice da matriz esperada, assim:

$$\alpha = \frac{\sum_c (o_{cc} - e_{cc})}{\sum_c (n_{cc} - e_{cc})}$$

A taxa de concordância simples entre os avaliadores foi de 95,4%, correspondendo a um índice de concordância de Kappa (k) de 0,828 e a um índice de Krippendorff (α) de 0,903, o que pode ser considerado um 'acordo quase perfeito'

⁶ Ver anexos, no presente trabalho p. 87

das análises (VIERA & GARRETT. 2004), corroborando a validade interna dos achados.

3.0 Resultados

Na questão 01, cujo objetivo foi estabelecer o grau de confiança por parte dos estudantes e professores nos avanços em Biologia Molecular e Genética quanto à sua capacidade de resolver os desafios ao conceito de gene, notamos uma clara distinção entre as opiniões de estudantes e professores (Figura 1).

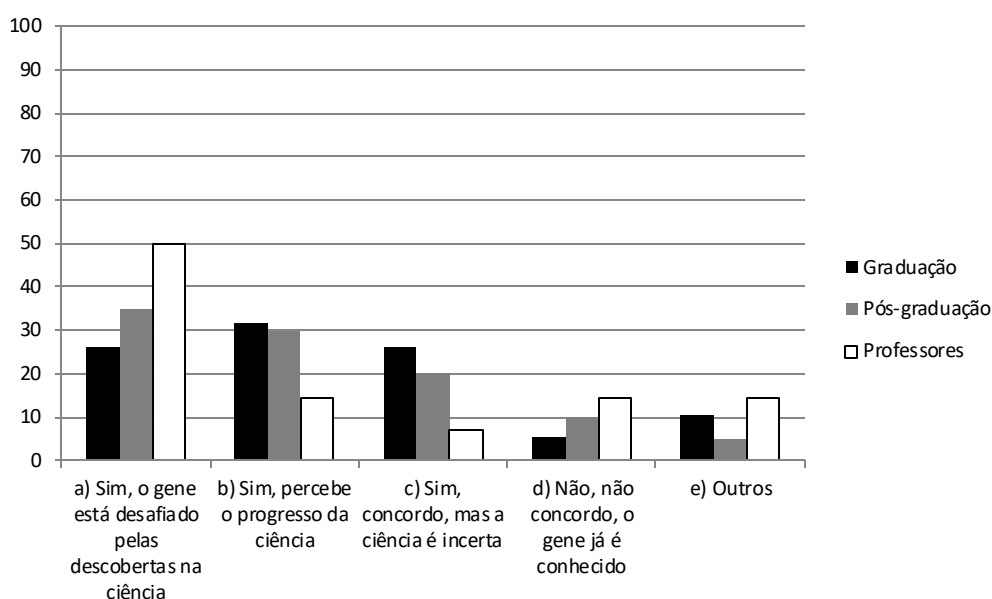


Figura 1: Distribuição das respostas à primeira pergunta “Quanto mais os cientistas se especializam na genética molecular, mais difícil se torna estar certo sobre o que um gene realmente é”.

Ambos os grupos de estudantes apresentaram uma distribuição mais uniforme entre as categorias obtidas na análise das respostas à questão 1, enquanto uma parcela significativamente maior dos professores concordou plenamente com a ideia que os avanços recentes desafiam o conceito de gene.

Assim, cinquenta por cento (50%) dos professores concordam plenamente, com o trecho trazido para as suas opiniões, assim:

Então eu acho que é uma frase que tem uma verdade por traz porque o que acontece é que quando a gente conhecia pouco do genoma o conceito de genes era supersimples, era aquela ideia de um gene uma proteína...a gente conhecia muito pouco não sabia a maioria das funções que estão por traz do genoma, era super fácil falar que os genes eram nada mais do que um transcrito traduzido num aminoácido...e ai conforme a gente foi conforme a gente foi pesquisando mais no genoma começaram aparecer outras regiões que supostamente tinham funções mais que a gente não fazia a mínima ideia do que era e pior ainda era que toda essa ideia que tinha por traz que um gene poderia ser sempre um transcrito traduzido ...

esta visão cai por terra... se empezaram descobrir novas regiões com função que não entanto não eram traduzidos e até mesmo nem transcritos então foi se tornando muito complexo o que eram um gene por conta disso...então eu acho que essa frase faz total sentido, que quanto mais se conhece, mais complexo se torna o conceito de gene e tal vez até complexo falar que tem um conceito duro e simples para definir o que é um gene. (08.EN.PF)

Por sua vez 35% dos estudantes de pós-graduação e 26% dos estudantes de graduação concordam plenamente com essa ideia. Enquanto 26% dos estudantes de graduação e 20% dos estudantes de pós-graduação mostraram inclinação a pensar que o conhecimento científico na Biologia Molecular não proporciona certezas absolutas, só incertezas. Apenas 7,1% dos professores concordaram com esta ideia. Destacamos uma opinião nesta categoria de um estudante de mestrado:

Eu acho que pelo caráter é muito complexo a gente falar de genes, genomas e de elementos genéticos porque as ferramentas para estudar esse tipo de coisas elas são muito...você não vê o gene, você não vê a estrutura toda, você meio que pensa e imagina que ela está li naquele tubo de coleta e você tem um liquido e você imagina que o gene esta lá, e quanto mais você vê que mais esses estudos acontecem, você descobre novas aplicações de genes que antes você achava que só expressavam proteínas eles começam fazer outras coisas, eu acho que eles estão certos sim, porque você quanto mais atualiza essas ferramentas, constrói novas formas de fazer esses análises, novas linhas de estudo envolvendo genética, descobrindo novas funções e aplicações, eu acho que é sim. [05.EN.PG(MT)]

No entanto, as opiniões que discordaram da afirmação de que o gene tem sido desafiado por avanços recentes na pesquisa em Genética e Biologia Molecular, tanto plena quanto parcialmente, foram, em geral, pouco frequentes em todos os grupos (5,2% entre os alunos de graduação, 10% entre os alunos de pós-graduação, e 14,2% entre os professores).

Opinião neste aspecto se destaca assim:

Realmente é complicado definir o gene em poucas palavras devido a sua atuação, ele trabalha de varias formas, mas eu acredito que não esteja provocando a duvida do que é um gen. Esta – se, digamos assim, concretizando realmente o que é um gene, não esta criando outras duvidas outras indagações, apenas o só conhecimento do gene se que esta sendo mais abusado. [15EN.PG(DT)]

Apenas uma pequena fração dos estudantes e professores se mostrou sem opiniões claras com relação a esta pergunta.

Na questão 2 (Figura 2), nas respostas à pergunta “Como você entende a relação entre genes e DNA?”, as opiniões foram claramente distintas entre os dois grupos de estudantes, e entre eles e os professores. Enquanto a maior parte das

respostas dos estudantes de graduação inclinou-se para a concepção informacional e o conceito molecular clássico (26,3% e 21%, respectivamente), a maioria dos estudantes de pós-graduação mostrou estar influenciada pelo conceito molecular clássico de gene (40% das respostas). Por sua vez, 50% das respostas dos professores apontaram para o conceito contemporâneo, apresentando uma visão mais sofisticada do que aquelas fornecidas pelos estudantes entrevistados.

A categoria “ausência de um conceito claro” apareceu nos estudantes numa porcentagem de 15,7% e 25%, na graduação e pós-graduação respectivamente, enquanto nos professores apareceu numa porcentagem de 14,2%. A alta frequência desta categoria nos pós-graduandos pode ser um indicativo das dificuldades na conceptualização de “gene”, principalmente frente aos avanços recentes da biologia molecular e genômica. A categoria conceito de gene D, não teve ocorrência nas respostas dos entrevistados como mostra a figura.

As demais categorias de conceitos apareceram numa porcentagem menor, a exemplo do conceito de “Gene-P”, que apareceu em 10,5% e 10% das respostas dos estudantes de graduação e pós-graduação respectivamente. Entre os professores, esse conceito foi ausente.

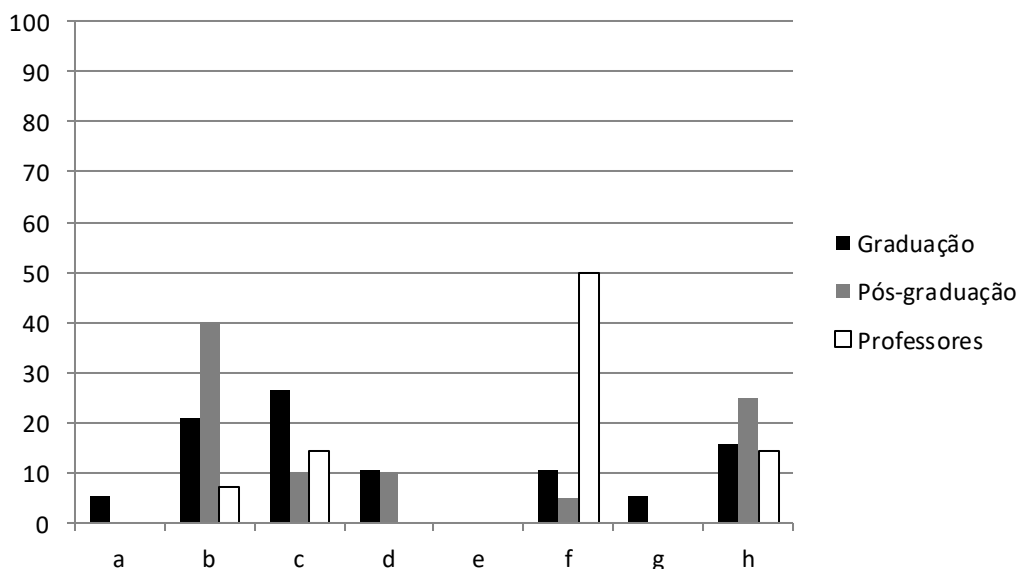


Figura 2: Distribuição de respostas a questão 02, “Qual é a relação entre genes e DNA”. a) Mendeliano; b) Molecular clássico, c) Informacional, d) Gene-P, e) Gene-D, f) Contemporâneo, g) Processual, h) Falta de um conceito claro.

Em todos os casos em que houve sobreposição de conceitos nas respostas dos estudantes, o conceito molecular clássico esteve presente. Assim, entre os

alunos de graduação a sobreposição do conceito molecular clássico, da concepção informacional e do conceito mendeliano apareceu em 5,2% das respostas. A resposta abaixo oferece um exemplo:

Eu penso em igualdade, só que **o gene é a unidade básica da herança**, onde **contem lá as informações para síntese de proteínas** que é bem diferente do DNA, se você fala para mim gene é DNA e DNA é gene... mais o gene é aquela parte que tem informação para síntese de proteínas, e **é a unidade básica da herança** e tem uma parte que **codifica as proteínas...** (16.EN.GR.)

Entre os estudantes de pós-graduação, encontramos 10% de sobreposição nas respostas entre o conceito molecular clássico e a concepção informacional, enquanto entre os professores houve uma sobreposição entre os conceitos molecular clássico e contemporâneo de 14,28%.

Na questão 3, foram mobilizadas as opiniões dos entrevistados em relação a uma definição de gene encontrada no livro de Lodish⁷ (Lodish, 2003). Esta definição se compromete com uma definição de gene já apontada como bastante problemática na literatura filosófica (FOGLE, 1990; KELLER, 2000; EL-HANI, 2007), por duas razões: a primeira decorre do fato de que sequências codificantes podem estar muito distantes das regiões regulatórias, sendo difícil localizar os genes no genoma. A segunda razão é que várias sequências regulatórias (como os *enhancers*) podem estar envolvidas na expressão de várias regiões codificantes, o que entra em conflito a concepção de que o gene é apenas uma sequência de ácido nucleico envolvida na produção de um polipeptídeo ou RNA funcional, como expresso na primeira parte na definição apresentada aos entrevistados.⁸

As respostas à questão 3 (Figura 3) apresentaram um padrão decrescente de aceitação dessa afirmação, dos alunos de graduação, passando pelos de pós-graduação, até os professores. Enquanto 73,7% dos alunos de graduação concordaram plenamente com a afirmação, o mesmo ocorreu com 55% dos pós-graduandos e 21,4% dos professores. Por sua vez, 57,1% dos professores

⁷ Definição encontrada no livro. “Em termos moleculares, um gene comumente é definido como toda a sequência de ácido nucleico que é necessária para a síntese de um produto funcional (polipeptídeo ou RNA). De acordo com essa definição, um gene inclui mais do que os nucleotídeos que codificam uma sequência de aminoácidos ou um RNA funcional, referidos como a região codificante. Um gene também inclui todas as sequências de DNA requeridas para a síntese de um transcrito de RNA particular, não importando onde essas sequências estão localizadas em relação à região codificante”. (LODISH et al. 2013, p.225)

⁸ Nesta questão podem se apresentar várias questões de interpretação, por exemplo, se os *enhancers* podem ser considerados genes ou se diferentes regiões regulatórias podem influenciar a produção pela célula de diversos RNAs ou proteínas a depender do ambiente celular.

concordaram parcialmente com o trecho, apresentando ressalvas de naturezas diversas ao conceito de gene apresentado. Por exemplo, uma das professoras entrevistadas comentou:

[...] confesso que eu não tenho opinião formada... mas eu acho que isso aqui está exagerado aqui com os milhares... e não sei se estou de acordo com essa parte do gene inclui além dos nucleotídeos que codificam a própria sequência ele também inclui promotor e região regulatória, porque se você para para pensar, por exemplo, no operon bacteriano, ele tem sequência promotora, alguma região regulatória que pode estar antes, pode estar depois, pode estar bem distante, e ele pode ter vários genes, então veja bem, o primeiro gene do operon, ele vai conter aquela região regulatória, mas o segundo também vai conter, então não faz muito sentido né... às vezes a região regulatória fica por fora do conceito de gene, eu acho que eu tendo acreditar mais nisso (09.EN.PF).

Já entre os estudantes, 40% e 21% dos graduandos e pós-graduandos, respectivamente, apresentaram ressalvas ao conceito, concordando apenas parcialmente. Em todos os grupos entrevistados, discordância plena apareceu em um percentual muito baixo: 5,2%, 5%, e 7,1% no grupo de alunos de graduação, pós-graduação e professores, respectivamente.

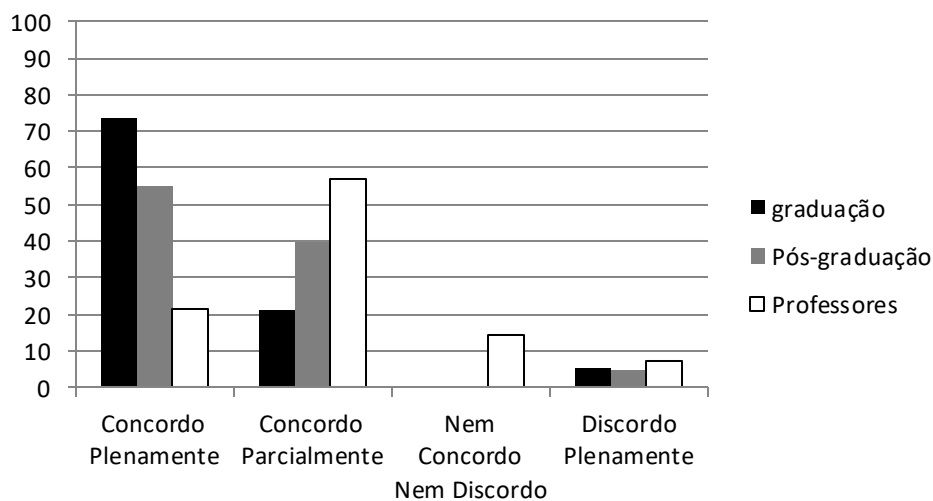


Figura 3: Distribuição de respostas a questão 03. Cada categoria corresponde ao nível de acordo ou desacordo com a definição sobre o conceito de gene do livro Lodish (2003) nos estudantes de graduação, pós-graduação e pesquisadores (professores)

As questões 4 e 5 apresentam, por meio de imagens, fenômenos que desafiam as ideias de gene como unidade estrutural e funcional, que são parte do conceito molecular clássico. Na questão 4, foi apresentada uma imagem do processo de emenda alternativa a todos os entrevistados com o objetivo de analisar se haveria, nas suas respostas, a percepção dos desafios que ele representa para a compreensão dominante do gene na segunda metade do século XX.

Entre os estudantes de graduação, 31,5% conseguiram perceber as dificuldades impostas pela emenda alternativa, enquanto, entre os estudantes de pós-graduação, somente 10% tiveram essa percepção (Figura 4). Por sua vez, a maioria dos professores (57%) reconheceu a emenda alternativa como desafio ao conceito molecular clássico.

Na seguinte passagem podemos perceber como o estudante percebe os desafios:

Eu acho que tem, porque tal vez, eu não tenho aprofundado muito nisso, eu acredito que **foi um dos primeiros conceitos de gene tem sido aquela ideia que um gene codifica um RNA mensageiro que vai codificar proteína**, a partir que você tem um splicing alternativo, você pode ter varias combinações que vão gerar diferentes RNA mensageiros maduros que vão gerar diferentes proteínas, **e se a gente para pra pensar nas modificações pós-traducionais, eu acho que isso tem uma implicação muito grande no entendimento de um gene**, no entendimento de todo processo que envolve a codificação de genes e proteínas. (09.EN.GR.)

A mesma proporção dos estudantes de graduação (31,5%) discorreu sobre aspectos gerais da emenda alternativa, descrevendo o fenômeno, sem nenhum tipo de reconhecimento direto dos desafios ao conceito de gene. Entre os pós-graduandos, 45% fizeram o mesmo. Por exemplo, um dos estudantes de graduação respondeu:

[...] Tem importância, justamente por o que está constituindo aqui, que está mostrando os éxons, íntrons naquela questão de *splicing*, que para mim eu entendo essa relação assim, nessa parte, cada pedacinho desses, ele está assim, identificando isso, por isso eu acho importante para o entendimento do que é um gene, para mim os genes têm os DNA, os íntrons, os éxons que são as regiões codificadoras e aí por isso é importante (14.EN.GR).

Entre os entrevistados que não conseguiam enxergar dificuldade para o conceito de gene por consideraram que o conceito molecular clássico já teria sido superado, temos 15,7%, 25% e 7,14% dos graduandos, pós-graduandos e professores respectivamente. Opiniões como essa se registraram nos graduandos e pós-graduandos:

Um aluno de graduação argumentou a sua opinião assim:

Tem sim, esse exemplo que este removido dentro do processo de splicing, eu tomo como gene também, porque apesar de não ser lido de não ser removido ele esta dentro da região codificantes então ele é traduzido em RNA mensageiro **eu tomo como gene** também, apesar de ser intron, de não ser lido, de não ser expresso eu tomo como gene também. **Eu tomo como gene, mas eu acho que não apresenta muita coisa no processo de splicing**, eu acho que não acrescenta muita coisa no conceito de gene, não vejo muita relação muito forte no conceito de gene. (07.EN. GR)

Uma aluna de pós-graduação argumentou assim:

Para mim os genes incluíam os exons e íntrons, não necessariamente só os exons até que porque pode ocorrer splicing alternativo, **então não necessariamente só os exons podem ser necessários para formar um mesmo RNA**, podem ser usados vários exons de um mesmo gene para produzir RNA diferentes, e isso não deixa de ter a importância do gene como um todo. 01.EN.PG(MT).

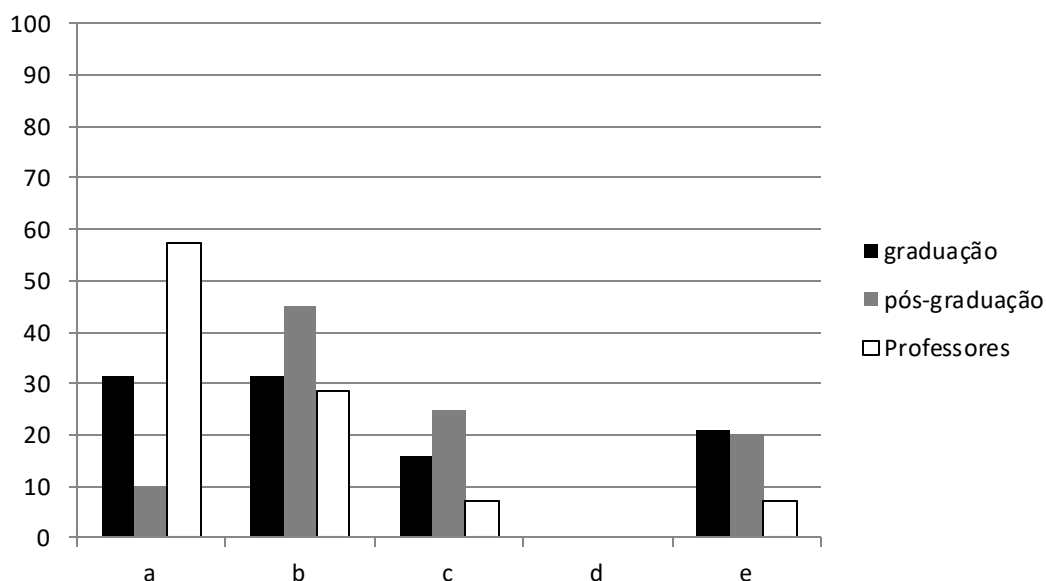


Figura 4: Distribuição das respostas a questão 4. Emenda alternativa como desafio ao conceito de gene. a) Sim, o fenômeno tem consequências para o conceito de gene, e a justificativa se baseia no reconhecimento de algum aspecto relativo à ausência de uma correspondência de 1:1:1 entre gene, produto gênico e função gênica; b) Sim, o fenômeno tem consequências para o conceito de gene, e a justificativa se baseia apenas na explicação do fenômeno ou aspectos dele; c) Não, não tem consequências para o conceito de gene, mas porque o conceito já foi superado; d) Não, o fenômeno não tem consequências para o conceito de gene, mas ele ainda é molecular clássico; e) Incompreensível, não responde ou não sabe.

Na questão 5 do roteiro de entrevista, apresentamos uma imagem de genes superpostos, com o intuito de verificar se os entrevistados percebiam nesse fenômeno desafios à ideia do gene como unidade estrutural e funcional.

Enquanto 21% e 25% dos alunos de graduação e pós-graduação, respectivamente, perceberam desafios ao conceito molecular clássico de gene no fenômeno dos genes superpostos, 57% dos professores enxergaram tais desafios (Figura 5). Entre os estudantes, 10,5% dos graduandos e 30% dos pós-graduandos não conseguiam enxergar desafios ao conceito molecular clássico por considerarem que ele havia sido superado, o que ocorreu com 14,2% dos professores.

Chama a atenção nesses resultados, ainda, o percentual de respostas incompreensíveis, ou nas quais os entrevistados não responderam, ou relataram

não saber responder. Enquanto 63,1% das respostas dos graduandos se encontravam nessa categoria, o que não é inesperado, causou surpresa que 25% e 21,4% dos estudantes de pós-graduação e professores também tenham dado respostas nela classificadas.

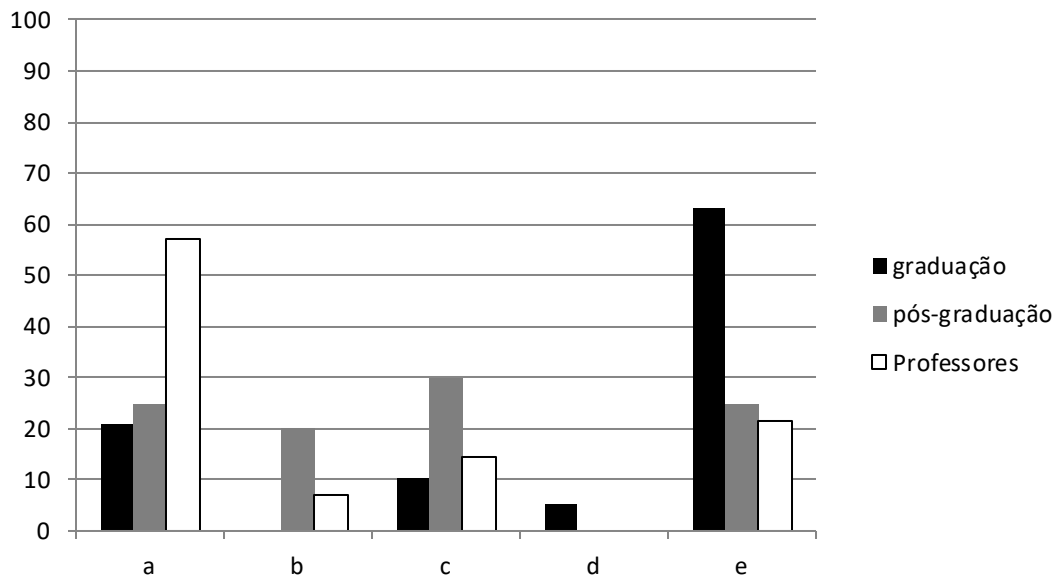


Figura 5 Distribuição das respostas a questão 05. Genes superpostos como desafio ao conceito de gene. a) Sim, o fenômeno tem consequências para o conceito de gene, e a justificativa se baseia no reconhecimento de algum aspecto relativo à ausência de uma correspondência de 1:1:1 entre gene, sequência de DNA, produto gênico e função gênica; b) Sim, o fenômeno tem consequências para o conceito de gene, e a justificativa se baseia apenas na explicação do fenômeno ou aspectos dele; c) Não, não tem consequências para o conceito de gene, mas porque o conceito já foi superado; d) Não, o fenômeno não tem consequências para o conceito de gene, mas ele ainda é molecular clássico; e) Incompreensível, não responde ou não sabe.

Na pergunta 6, apresentamos aos entrevistados a seguinte afirmação:

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.

Mais uma vez, as opiniões mobilizadas frente ao trecho proposto foram bastante discrepantes entre os grupos entrevistados (Figura 6). A maior parte dos alunos de graduação e pós-graduação concordou plenamente com o trecho (52,6% e 55%, respectivamente), enquanto apenas 7,1% deles concordaram plenamente com a afirmação. A discordância plena apareceu apenas nas respostas dos alunos de pós-graduação e professores (15% e 21,4%, respectivamente). A maioria dos professores (71,4%) concordou parcialmente com o trecho, ressaltando as limitações da afirmação dado seu caráter determinista. Um exemplo pode ser visto na resposta de um professor:

Eu acho que esse texto ele traduz toda essa visão assim simplista digamos da expressão gênica [...] é a impressão que eu tenho aqui ensinando genética clássica, na genética básica,

[...] um gene não é expresso isoladamente... ele é expresso num contexto, então eu acho que é uma tentativa, mas uma tentativa de simplificação que até distorce um pouco o que é de fato o que está acontecendo então que leva até essa coisa de determinismo genético (07.EN.PF)

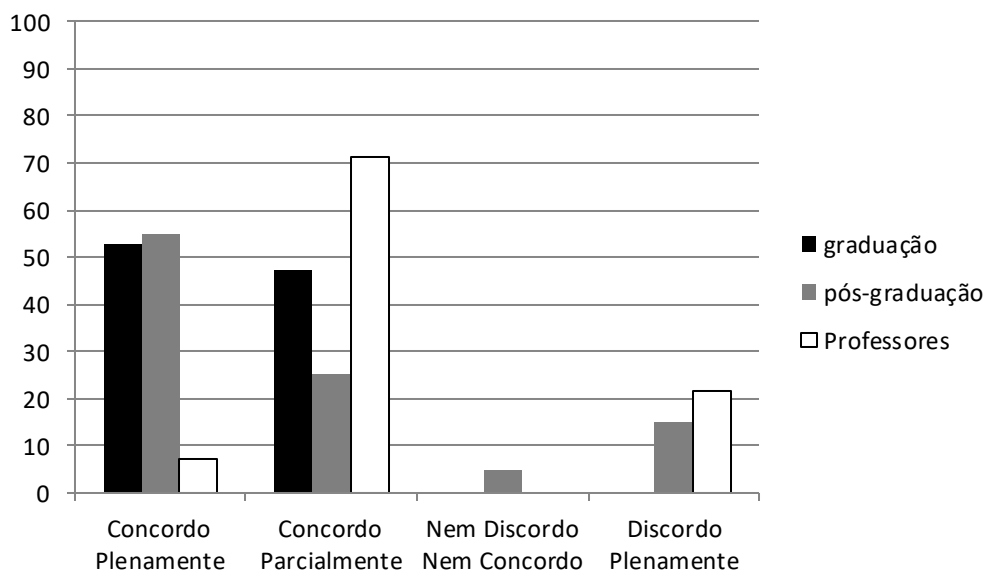


Figura 6. Distribuição das respostas a questão 6. Na qual cada categoria corresponde ao nível de acordo ou desacordo em relação à afirmação oferecida aos entrevistados para opinarem.

No roteiro da entrevista apresentaram-se duas questões fechadas (7 e 8) que ofereciam a possibilidade de escolher, dentre uma lista de alternativas, um ou vários modos de entender o que é um gene. O entrevistado devia escolher uma alternativa, como na questão 7 ou varias alternativas como na questão 8. Cada alternativa se relaciona com conceitos de gene já estudados na literatura, assim: (a) Mendeliano; (b), (g) e (h) Molecular clássico; (c) (i) e (j) Informacional; (d) Gene-P; (e) Gene-D; (f) Molecular processual. Pelo que não foi necessária maiores explicações nos entrevistados pelas escolhas que fizeram.

Como pode ser visto na Figura 7, os estudantes de graduação escolheram duas categorias relacionadas à concepção informacional (c) e (j) em 21% e 15,7% respectivamente. Ou seja, 36,7% desta turma de entrevistados estão enquadrados nessa categoria. 26,3%, das respostas alinhadas ao conceito molecular clássico” e menos de 20%, afirmações que apontavam para o gene-D (15,7%) e o conceito mendeliano (10,5%).

40% dos pós-graduandos por sua vez, escolheram alternativas que se referiam ao conceito molecular clássico, 25%, ao gene-D e 20% ao conceito molecular processual e 15,7% à concepção informacional, produto das escolhas das alternativas (i) 5% e (j) 10%.

Por fim, nos professores três categorias apareceram numa frequência similar, conceito molecular clássico, gene-D e conceito molecular processual, com 28,5% das alternativas escolhidas, cada, enquanto as respostas relacionadas à concepção informacional foram escolhidas por 14,3% dos professores. Produto das escolhas nas alternativas (i) e (j) em 7,14% cada.

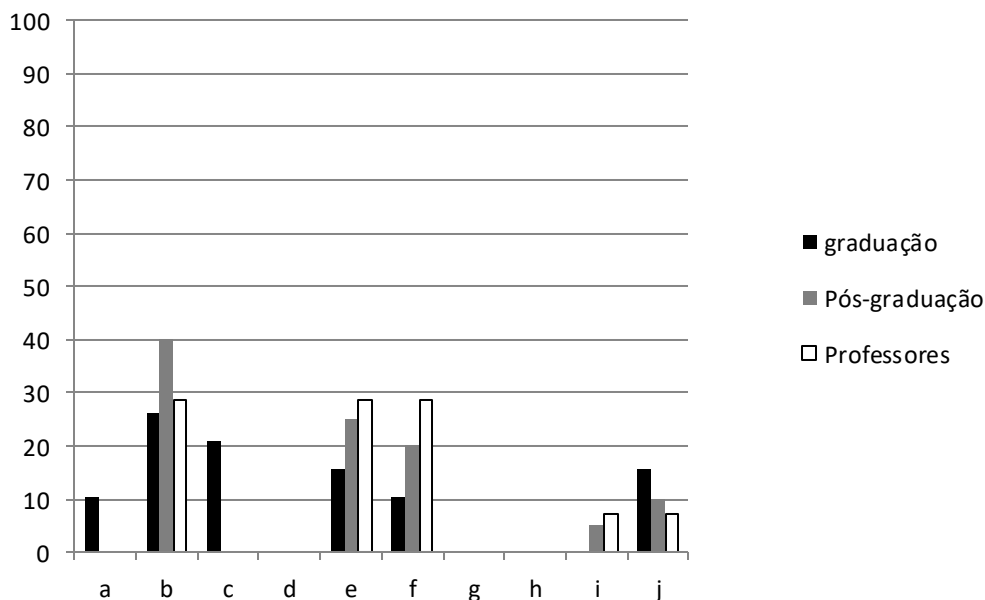


Figura 7. Distribuição de respostas referentes a questão 8 entre os alunos de graduação, pós-graduação e professores, na escolha da melhor alternativa do que é um gene. (a) Mendeliano; (b), (g) e (h) Molecular clássico; (c) (i) e (j) Informacional; (d) Gene-P; (e) Gene-D; (f) Molecular processual.

Na questão 8, na qual os entrevistados podiam escolher livremente todas as alternativas com as quais concordassem, 63,1% dos estudantes de graduação escolheram alternativas alinhadas com a concepção informacional e uma porcentagem igual, 57,9% das afirmações relacionadas aos conceitos mendeliano e molecular clássico. Outras respostas foram escolhidas com menor frequência, como gene-P e o conceito molecular processual que ficaram com a mesma porcentagem (26,3%) (Figura 8).

Nos estudantes de pós-graduação, alternativas correspondentes ao conceito molecular clássico foram escolhidas numa frequência de 75%, ao conceito molecular

processual, de 70%, ao conceito mendeliano, de 60%, à concepção informacional, de 50%, ao gene-D, de 50%; e ao gene-P, de 20%.

Entre os professores, 92,8% escolheram alternativas relacionadas ao conceito mendeliano, 71,4%, à concepção informacional, 64,2%, ao conceito molecular clássico, 64,2%, ao gene-D, 57,1%, ao conceito molecular processual, e 7,1%, ao gene-P.

Estes achados indicam, primeiro, a grande diversidade de modos de entender o gene aceitos pelos pesquisadores, não importando seu nível de formação, o que atesta o impacto da variação conceitual acerca deste conceito central na biologia. Não é possível dizer, com os dados que temos, se esta aceitação da variação conceitual implica, ou não, alguma confusão no entendimento dos genes.

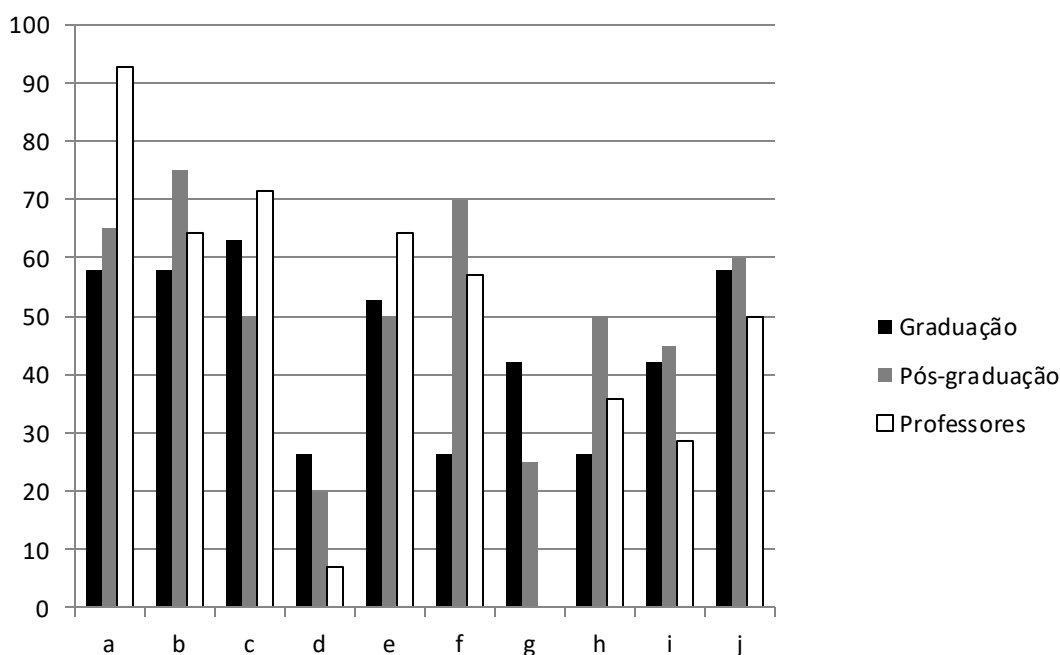


Figura 8. Distribuição de respostas referentes a questão 8 entre os alunos de graduação, pós-graduação e professores, na escolha da melhor alternativa do que é um gene. (a) Mendeliano; (b), (g) e (h) Molecular clássico; (c) e (i) Informacional; (d) Gene-P; (e) Gene-D; (f) Molecular processual.

As questões 9, 10, e 11 tiveram como objetivo investigar as concepções dos entrevistados sobre função genica com base em três perguntas diferentes: “Quais as funções dos genes nas células?”, “Quais as funções dos genes na herança?” e “Quais as funções dos genes no desenvolvimento?”.

Entre as respostas dos estudantes de graduação à questão 9, 63,2% se encaixaram na categoria “Codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs”, e

57,89%, em “Programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento” (Figura 9).

Por sua vez, 65% das respostas dos estudantes de pós-graduação foram classificadas na categoria “Codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs”, 40%, na categoria “Programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento”,

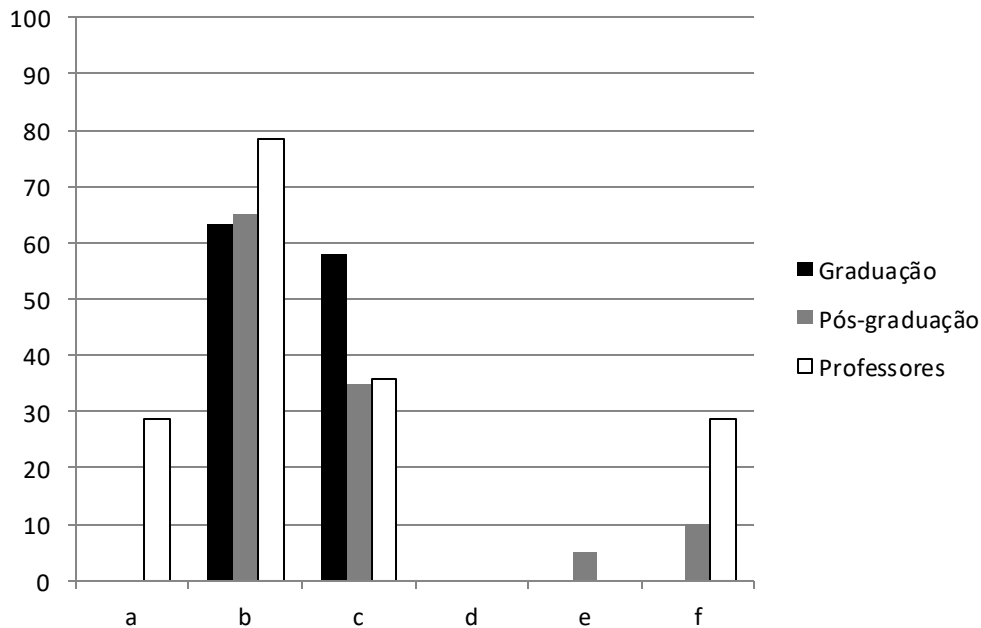


Figura 9. Distribuição das respostas referentes à questão 9 “Quais as funções do gene na célula?”. Foram obtidas as seguintes categorias: (a) Transmitir caracteres hereditários; (b) Codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs; (c) Programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento; (d) Causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica; (e) Propiciar recurso para o desenvolvimento; (f) Controlar metabolismo celular; (g) Servir como unidade de seleção; (h) Outros.

10%, na categoria “Controlar metabolismo celular”, e 5%, na categoria “Propiciar um recurso para o desenvolvimento”.

No caso das respostas dos professores, 78,57% se situaram na categoria “Codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs”, 35,71%, na categoria “Programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento”, 28,57%, na categoria “Transmitir caracteres hereditários”, e 28,57%, na categoria “Controlar metabolismo celular”.

Foram encontradas sobreposições entre ideias sobre função gênica, principalmente com a categoria “Codificar estrutura primária de polipeptídios”. Em 33% das respostas dos estudantes de graduação, a função de “Codificar estrutura

primaria de polipeptídios ou RNAs” apareceu combinada com a função de “*Controlar metabolismo celular*”. O mesmo foi observado em 15,3% das respostas dos estudantes de pós-graduação e 9% das respostas dos professores. Um exemplo de tal sobreposição pode ser observada na seguinte resposta de uma estudante de mestrado:

Nas células o gene vai determinar quais produtos vão ser gerados e qual é a função que aquela célula vai desempenhar de acordo com os produtos, na verdade eu não penso muito assim, como uma coisa tão específica como ter uma função na célula, na herança, eu penso na função do gene geral no organismo, mas penso que dessa forma tem as células de um mesmo organismo, tem o mesmo material genético, então pensar em funções distintas, **então os genes de certa forma determinam a função que as células desempenham de acordo com os produtos que são gerados**, então, por exemplo, uma célula de um neurônio tem o mesmo material genético que uma célula epitelial, mais apresenta funções completamente distintas e isso é determinado pelos genes que vão ser expressos em cada uma dessas células, então acredito que é isso. 08.EN.PG(MT)

As demais sobreposições ocorreram somente nas respostas de poucos estudantes, na graduação, por exemplo, as sobreposições das categorias “*Codificar estrutura primaria de polipeptídios*” com a categoria “*Controlar metabolismo celular*”, teve uma frequência de 25%.

Uma aluna por exemplo opinou assim:

São as funções metabólicas para a célula... porque é o que a gente vê em biologia aquela cascata de funções... ela transcreve o RNA lá bonitinho que ele **sintetiza uma proteína e vai ser importante para cadeia metabólica da célula desenvolver alguma função** então seria isso né...**as funções metabólicas da célula...**não saberia te dizer uma, mais e o que a gente vê em relação naquela cadeia...naquela cascata que vai desde o sinal externo às funções bem separadas que a célula faz até a síntese da proteína toda bonitinha que vai estar influenciando na outra função metabólica naquele circuzinho que a gente vê...para mim seria isso...das funções metabólicas da célula... (12.EN.GR)

Já nos pós-graduandos, a sobreposição dos modelos “*Codificar estrutura primaria de polipeptídios*” e “*Propiciar recurso para o desenvolvimento*” ocorreu em apenas 7,69% das respostas, enquanto a sobreposição das três categorias “*Codificar estrutura primaria de polipeptídios*”, “*Programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento*” e “*Causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica*” ocorreu numa frequência de 7,69%.

Entre os professores, a maior frequência de sobreposição ocorreu entre os modelos “*Codificar estrutura primaria de polipeptídios*” “*Transmitir caracteres hereditários*” em 27,2%; enquanto que a sobreposição entre os modelos “*Codificar estrutura primaria de polipeptídios*” e a categoria “*outros*” ocorreu em 9% das

respostas. Já a sobreposição dos três modelos “Codificar estrutura primaria de polipeptídios”, “Transmitir caracteres hereditários” e a categoria “Programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento” ocorreu em 9% das respostas, e entre os modelos “Codificar estrutura primaria de polipeptídios”, “Programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento” e Controlar metabolismo celular a porcentagem esteve em 18, %.

Um exemplo de sobreposição das categorias “Transmitir Caracteres Hereditários” e “Codificar Estrutura Primária de polipeptídios ou RNAs” e “Causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica” é encontrado na resposta que segue:

Bom, **produzir as moléculas funcionais né..., as três principais são... RNA mensageiro, ribossômico e transportador...** mais tem outras menorzinhas que são os pequenos RNAs citoplasmáticos e nucleares que também cumprem funções muito importantes da célula... não podemos esquecer-nos dessas tarefas... e **também tem as funções hereditárias** então a gente sabe pela teoria celular que uma célula só vem de outra... de outra preexistente...então o gene também cumpre uma função importante para célula que é transmitir as características hereditárias desse organismo...**já que essas características hereditárias estão contidas no gene...**então tem essas duas funções...promover a construção de moléculas funcionais os RNAs funcionais e transmitir informação genética... (05.EN.PF).

Na questão 10, “Quais as funções dos genes na herança?”, a grande maioria das respostas dos estudantes de graduação, pós-graduação e professores estiveram voltadas pra categoria “Transmitir Caracteres Hereditários”, que apareceu em 78,9%, 90% e 92,8% respectivamente.

Já a categoria “Programar ou Instruir a Função Celular ou o Desenvolvimento” ocorreu com uma frequência de 15,78%, “Causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica”, com 15,78%, e a categoria “Outros”, com 36,8% (Figura 10).

Uma aluna de pós-graduação opinou da seguinte maneira?

Conservar a herança... está se referindo a passar de geração a geração? Eu acho que existem **aquisições evolutivas que são importantes para nossa sobrevivência**, então a medida que ocorre essa transmissão de genes isso interfere no desenvolvimento, na manutenção de uma determinada espécie." 18.EN.PG(DT)

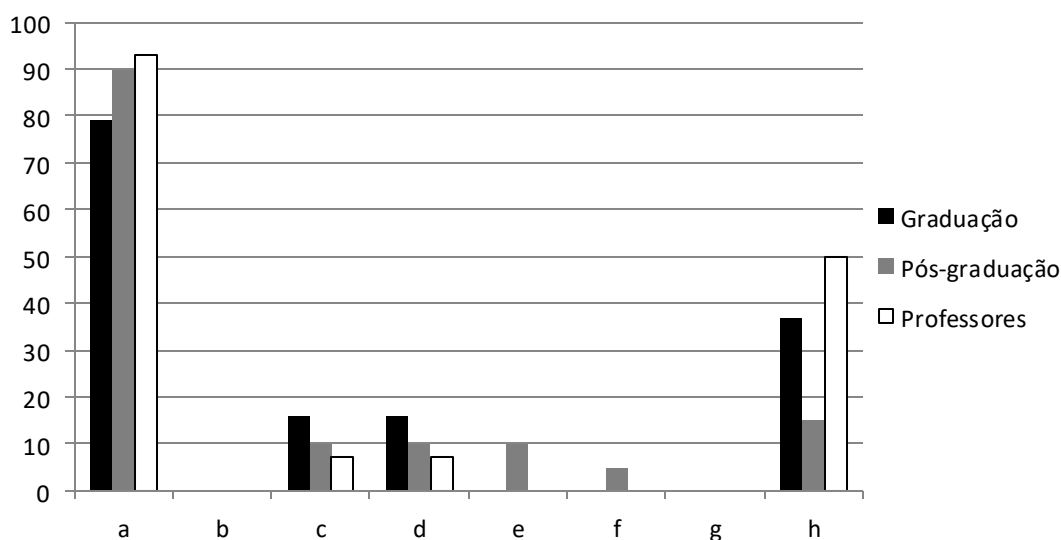
Nos professores, 92,8% das respostas foram enquadradas na categoria “Transmitir caracteres hereditários”, 7,14% em “Programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento”, 7,14% em “Causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica”. A categoria “Outros” correspondeu a 50% das respostas.

A categoria “Outros” esta se referindo às diferentes concepções dos entrevistados na qual em sua argumentação reconhecem diversos processos e fenômenos que intervêm na herança, tais como a evolução, a epigenética, o ambiente, etc., mas de forma que não foi possível estabelecer uma categoria única como, por exemplo, “gene evolutivo” devido a que as respostas dos entrevistados não foram diversas mencionando uns fenômenos, mas outros não. Apresentamos dois exemplos: uma resposta da turma dos professores e outra dos graduandos:

Então eu entendo o seguinte que todos os seres vivos eles são produto de milhões de anos de seleção...alguns natural, hoje temos outros que sofrem seleção artificial...**mas nós somos produto de um processo evolutivo**, que vem lá desde a primeira célula, né que começou a se dividir nos primeiros seres vivos, né...então nós somos os sobreviventes dessa grande corrida evolutiva...**e a função dos genes na herança é transmitir essas características que foram selecionas ao longo desses milhões de anos de evolução biológica**...que foram selecionadas o se mantiveram por deriva em fim...são as características que hoje as espécies as populações tem como as mais adaptadas para aquelas essas situações espaço tempo que a gente tem de ambiente, de pressão ambiental...então eu entendo os genes como isso...como uma forma de transmitir essa características que se vem se modificando ao longo de milhões de anos de evolução... (06.EN.PF)

Interessante a opinião de um estudante de graduação

Na herança,... os genes possuem informação que vai passar para a outra geração, basicamente, não só os genes também tem a epigenética e comportamental, mais é a herança que vai ser passada de geração trás geração influenciando a evolução de uma geração de uma espécie, está guardada nos genes, praticamente isso...eles armazenam parte das informações que vão ser passadas de uma geração para outra e que estão influenciando no processo evolutivo daquela população daquela espécie (07.EN.GR)



hereditários; (b) Codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs; (c) Programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento; (d) Causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica; (e) Propiciar recurso para o desenvolvimento; (f) Controlar metabolismo celular; (g) Servir como unidade de seleção; (h) Outros.

Todas as sobreposições nas respostas a esta pergunta aconteceram com a categoria “*Transmitir caracteres hereditários*”, que apareceu com maior frequência. Uma sobreposição das funções de “*Transmitir caracteres hereditários*” com a função de “*Servir como unidade de seleção*” apareceu em 26,6% das respostas dos estudantes de graduação, em 11% das respostas dos estudantes de pós-graduação, enquanto que nos professores ela ocorreu em 46,1% das respostas. Um exemplo de tal sobreposição na fala de uma pesquisadora de pós-doutorado argumentou da seguinte maneira: professor é apresentado a seguir:

Bueno, **los genes contienen la información transmitida por la generación anterior y bueno de hecho, se pasan a la siguiente generación**, es la manera como funciona la evolución, no? **si hay algo, si ha habido una mutación que ha beneficiado a una generación en concreto, esa mutación genera más descendencia y prevalecerá respecto a las otras**, no?, cual es la función de los genes en la herencia, bueno son la estructura que contiene la herencia, que está "encapsulando" esa información que podemos decir herencia **que son todas las generaciones anteriores, todo el viaje que han hecho evolutivo** está "encapsulado" en esa estructura que es gen, que va pasar a la siguiente generación 14.EN.PF(PsD)

A sobreposição dos modelos “*Transmitir caracteres hereditários*” e “*Programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento*” ocorreu entre os graduandos em 6,6% das respostas, e nos pós-graduandos em 5,5%.

Na graduação, ocorreu ainda sobreposição dos modelos “*Transmitir caracteres hereditários*” e “*Programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento*” numa frequência de 6,6%. Já nos pós-graduandos, observamos a sobreposição entre os modelos “*Transmitir caracteres hereditários*” e “*Causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica*” em 11%, enquanto nos professores a sobreposição ocorreu entre os modelos “*Programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento*” “*Outros*” em 7,1% dos casos.

Na questão 11, “Quais as funções dos genes no desenvolvimento”, 63,1%, dos estudantes de graduação tiveram suas respostas classificadas na categoria “*Programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento*”, seguida da categoria de “*Codificar estrutura primaria de polipeptídios*”, com 15,7% das respostas. Outras

categorias como “Causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica” e “Propiciar recurso para o desenvolvimento” tiveram uma frequência de 10,5%, enquanto a categoria “outros” apareceu em 5,2% das respostas (Figura 11).

Entre os estudantes de pós-graduação, a categoria “Programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento” apareceu com uma frequência de 60%, seguida da categoria “Propiciar recurso para o desenvolvimento”, que apareceu com uma frequência de 30%. Já as categorias “Codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs” e a categoria “Outros” apareceram numa porcentagem de 15% cada, enquanto a categoria “Transmitir caracteres hereditários” foi encontrada em 5% das respostas.

Nas respostas dos professores, as categorias “Programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento” e “Propiciar recurso para o desenvolvimento” apareceram com uma porcentagem de 28,5% cada, enquanto a categoria “Outros” apareceu em 21,4% das respostas. As categorias “Codificar estrutura primária de polipeptídios” e “Controlar o metabolismo celular” ocorreram numa frequência de 7,14% cada.

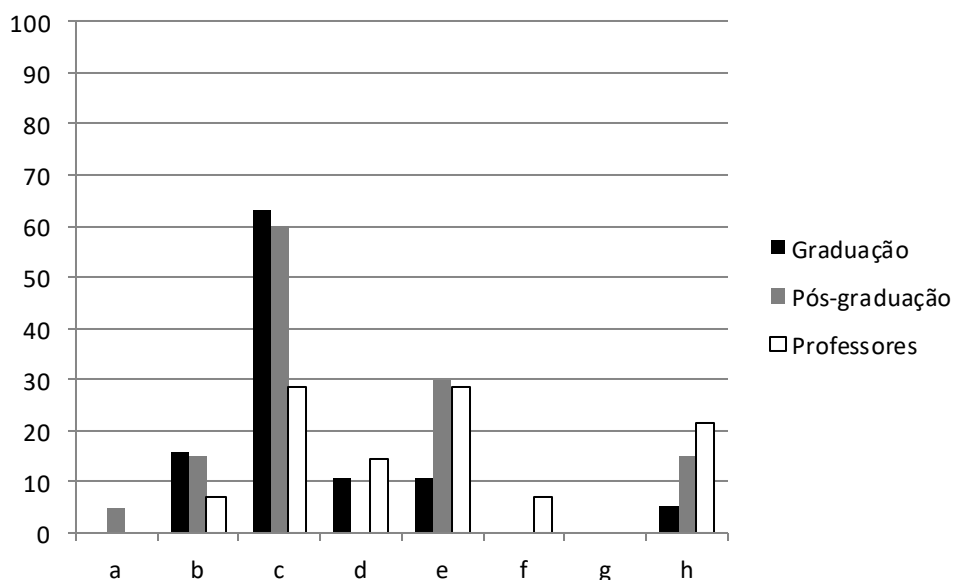


Figura 11. Distribuição das respostas à questão 11. (a) Transmitir caracteres hereditários; (b) Codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs; (c) Programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento; (d) Causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica; (e) Propiciar recurso para o desenvolvimento; (f) Controlar metabolismo celular; (g) Servir como unidade de seleção; (h) Outros.

A sobreposição de ideias sobre a função dos genes no desenvolvimento ocorreu principalmente nas respostas classificadas na categoria “Programar ou

instruir a função celular ou o desenvolvimento". Assim, as sobreposições deram-se entre os modelos "Codificar estrutura primária de polipeptídios" e "Programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento" numa frequência de 8,3% nos graduandos, e 16,6% nos pós-graduandos, enquanto que nos professores essa sobreposição não se apresentou.

4. Discussão

A nossa pesquisa parte da hipótese de que as comunidades de pesquisadores em Genética, Biologia Molecular e campos afins, têm visões mais críticas sobre o conceito de gene, reconhecendo dificuldades de ideias usualmente aceitas e conhecendo interpretações alternativas, a medida que progridem no seu conhecimento sobre genética.

Assim, enquanto os estudantes de graduação estariam mais influenciados por conceitos com alta frequência de ocorrências em livros didáticos da área (e.g., os conceitos informacionais e moleculares). No caso dos pós-graduandos, esperávamos encontrar conceitos híbridos, ainda influenciados fortemente pelos conceitos aprendidos nos livros didáticos, mas já possivelmente influenciados pelos conceitos aplicados em suas práticas de pesquisa. Esperamos encontrar afinal uma relação de correspondência entre o conhecimento sobre e/ou grau de formação em Genética e suas visões sobre os genes

Temos que frisar que a entrevista apenas nos fornece elementos para fazer inferências aproximadas devido às limitações próprias ao instrumento de coleta de dados (GRIX, 2004; LICHTMAN, 2010), no sentido que elas não podem dar conta das muitas variáveis que exercem influencia nas concepções dos estudantes e professores na hora das suas respostas, como por exemplo, atividades extracurriculares e os livros didáticos.

Os nossos resultados corroboram em linhas gerais a nossa hipótese visto que observamos que o padrão de respostas foi o esperado, entre os alunos de graduação e pós-graduação e entre alunos e professores em algumas questões como no relacionado à relação entre genes e o DNA, e as perguntas relacionadas aos desafios que enfrenta o Conceito Molecular Clássico, os alunos e professores tiveram respostas diferenciadas, destacando-se nestes últimos respostas mais próximas dos conceitos "Processual" e "Contemporâneo" enquanto que os pós-

graduandos e graduandos mais pertos dos conceitos “Molecular Clássico” e “Informacional” respectivamente.

Contudo, os dados também mostraram que em algumas questões a nossa hipótese não foi inteiramente corroborada. Por exemplo, em algumas perguntas como da escolha livre de alternativas (Figura 8), apareceram respostas de parte de professores que parecem demonstrar que há influencia de conceitos que nós consideramos problemáticos por serem amplamente limitados na explicação dos fenômenos genéticos como o “Conceito Mendeliano” e o “Conceito Informacional”, que aparecem numa frequência alta, 92% e 72%, respectivamente, enquanto que os estudantes mostraram uma frequência menor.

Nas questões relacionadas às funções dos genes nas células, (Figura 9) esperávamos encontrar a mesma visão sobre os genes observada na pergunta 02, por parte dos professores, na qual a frequência do “Conceito Contemporâneo” foi importante, enquanto que o “Conceito Molecular Clássico” aparece numa porcentagem muito menor. Nesta pergunta, pelo contrario os professores mostraram uma porcentagem nas suas respostas de quase 80% inclinando-se pela categoria “Codificar estrutura primaria de polipeptídios ou RNAs”, claramente relacionada com o “Conceito Molecular Clássico”, quando se esperava umas respostas mais relacionadas com a categoria “Propiciar recurso para o desenvolvimento” que é mais próxima dos conceitos “Contemporâneos” e “Processuais”.

Por outro lado, numa porcentagem também interessante (30%) apareceu a categoria “*Transmitir caracteres hereditários*” próxima do “Conceito Mendeliano” só nos professores, as outras turmas não apresentaram esse conceito nas suas respostas.

Porque quando os professores falam da relação entre o DNA e os genes, as respostas mostram discursos mais próximos dos genes como recursos ou como processos que trabalham lado a lado com outros recursos como os médio ambientais, e quando lhes é perguntado sobre as suas funções nas células, voltam a considera-los apenas como codificadores de proteínas? Acredito que essa é uma questão que devemos testar em outros trabalhos.

Por outra parte, resultados similares, em relação às respostas dos estudantes, foram obtidos por Joaquim (2009) e Meyer (2010) que em suas

pesquisas aplicaram a grupos de estudantes universitários, mas com propósitos distintos. Nessas pesquisas a categoria “Conceito Molecular Clássico” prevaleceu por sobre outras categorias por eles construídas. Temos varias razões para acreditar que os resultados dessas pesquisas se alinham com os nossos resultados na medida em que os contextos dessas pesquisas foram semelhantes, no sentido de serem estudantes de ensino superior cursantes de Genética e Biologia Molecular, além de que as perguntas do instrumento de coleta de informação foram quase os mesmos, com a diferença que nós que usamos a entrevista como instrumento de coleta de dados, que permitiu um volume maior de dados, no sentido que as entrevistas permitem que o estudantes desenvolvam de melhor maneira as suas visões.

Esses resultados também são compatíveis com achados relacionados às visões sobre genes em livros didáticos de ensino médio (GERICKE E HAGBERG 2007b, 2008; SANTOS & EL-HANI 2009; FLODIN, 2009; GRICKE & HAGBERG, 2010a,b;) e ensino superior (PITOMBO et. a. 2008a,b; JOAQUIM & EL-HANI, 2010; EL-HANI et al. 2014; AVELO & UITTO, 2015; EVANGELISTA, 2016), em que o “Conceito Molecular Clássico” e o “Conceito Informacional” ocorreram com alta frequência ao longo das explicações sobre os genes.

Mesmo que os nossos dados não permitam estabelecer relação direta entre os livros didáticos e nossos achados nas entrevistas, acreditamos que os livros didáticos sejam um dos fatores que mais fortemente influenciam as concepções dos estudantes de graduação sobre genes, pelo fato do livro didático ser também um elemento controlador do currículo orientando, além do conteúdo a ser ensinado, a sequência dos conteúdos, as atividades de aprendizagem e os modos de avaliação (BALL; FEIMAN-NEMSER, 1988).

Como ressaltamos na introdução deste trabalho, tanto o “Conceito Molecular Clássico” quanto a “Conceito Informacional”, podem ser problemáticos, a depender do contexto e de como seja abordado no discurso.

No caso do “Conceito Molecular Clássico”, como apontam (EVANGELISTA, 2016; EL-HANI, 2016) não é um problema *per se*, pois ele pode ser útil como aproximação ao significado do gene em distintas situações e contextos, como por exemplo, em alguns genes dos procariotos e alguns eucariotos, já aqui

considerando outras variáveis. No entanto, um tratamento diferente, considerando-o como o único modelo existente ou mesmo o mais importante de todos os modelos existentes, sem as devidas críticas históricas e filosóficas, pode ter consequências lamentáveis no sentido de promover visões genocêntricas ou quando menos muito simplistas dos fenômenos genéticos.

Já no caso do “Conceito Informacional”, que teve uma frequência nos estudantes de graduação, as coisas são mais complicadas. Primeiramente porque a biologia ainda não tem um conceito de “informação” válido para descrever os processos biológicos como argumentam (GRIFFITHS 2001, 2006; EL-HANI et al. 2006, 2014) na qual, segundo Joaquim (2009), apenas cumpre uma visão “metafórica” para explicar processos que em outras circunstâncias podem se tornar difíceis (JOAQUIM, 2009, p. 136)

Em quanto às perguntas relacionadas com os desafios ao “Conceito Molecular Clássico”, como as questões 04 e 05, onde foi perguntado as suas opiniões sobre os fenômenos de emenda alternativa e genes sobrepostos, notamos várias coisas.

No que tem a ver com o fenômeno de emenda alternativa, a relação entre as repostas dos alunos e professores foi a esperada, isto é, os professores mostraram conhecimentos mais aprofundados sobre as implicações desses desafios ao “Conceito Molecular Clássico” e sua relação na ausência de uma correspondência de 1:1:1 entre gene, sequência de DNA, produto gênico e função gênica; enquanto que os estudantes mostraram um padrão de respostas diferentes.

Os estudantes de graduação mostravam-se mais cientes dessa relação de correspondência entre genes, produto e função genica, do que os estudantes de pós-graduação, que mostraram, de acordo a nossa categorização, que o “Conceito Molecular Clássico” não foi superado por eles, isto é, que não conseguiram enxergar as dificuldades que de fato está enfrentando esse conceito. Chama a atenção também que a porcentagem dos estudantes de pós-graduação que não sabia sobre o assunto foi maior que os graduandos, um achado que confronta também a nossa hipótese de pesquisa. Seria interessante mais pesquisas sobre isso nos estudantes na UFBA tendo em conta que vários estudantes de doutorado falaram “não saber do assunto”, que eu acho preocupante nesse nível de ensino.

Na questão sobre os genes sobrepostos (overlapping), chama a atenção as altas taxas de alunos de graduação desconheciam o processo, que pode ser produto de que não tenham cursado determinado nível no aprendizado de Genética ou Biologia Molecular no seu processo de formação como biólogos, ou que esses casos de genes sobrepostos não seja objeto de planejamento nas ementas desses cursos ou simplesmente que não seja aprendido pelo estudante, mas como dito, a entrevista não fornece essas informações.

Na questão 6, onde foi apresentado um trecho de um texto polemico que se compromete numa visão reducionista e determinista dos sistemas biológicos, é um trecho que assegura que “o fenótipo é produto da “informação” contida no genótipo”, quando a própria biologia não tem ainda uma teoria da informação, não pode ter uma qualificação melhor. Além disso, podemos argumentar como Sarkar (1996) que a “informação genética” “é pouco mais do que uma metáfora que se disfarça como um conceito teórico” (GRIFFITHS, 2001, p. 395)

Tendo isso em conta, nós esperávamos uma relação decrescente na sua aceitação na relação do nível dos estudos isto é, graduandos, pós-graduandos e professores. Mas os dados mostraram que os estudantes de pós-graduação aceitaram numa porcentagem maior do que os estudantes de graduação, e os professores uma aceitação parcial consideravelmente alta, ao redor de 72%, quando esperávamos uma rejeição total.

A grande maioria dos professores falou, com toda razão que o genótipo exerce influencia no fenótipo, mas de forma limitada porque a influencia ambiental e importante também. Contudo, o texto visto de forma global compromete-se nessa visão descrita acima, nesse sentido é que esperávamos a sua rejeição. Acredito que por essa razão foi tão aceita, porque o trecho tem uma parte que não pode ser rejeitado totalmente, como é a influencia que exerce o médio ambiente. Além disso, uma professora falou que inclusive o trecho pode ser usado de forma didática para o ensino médio:

“É bem didático quase infantil, mais assim, se você estivesse ensinando uma criança, por exemplo, ou ensino médio, acho bastante razoável, não acho ruim não, e ai se você da para uma faculdade você não vai falar que é o “projeto de um organismo”, mais assim, acho que para ensino médio esta bacaninha.” (ST.10.EN.PF)

É dizer, ha razões para justificar essa aceitação parcial tão alta por parte dos professores, no entanto para ensino médio eu considere que é problemático também.

Por sua vez, os estudantes de pós-graduação mostraram uma aceitação maior do que os estudantes de graduação, 55%, frente a 52,6% dos graduandos. Mesmo que seja uma diferença de apenas 3% aproximadamente, é um achado que chama a atenção no sentido do que esperávamos na hipótese do trabalho, posições intermediárias entre os graduandos e professores.

Temos respostas em que o doutorando falou que isso foi o que viu na escola:

"Sim, concordo plenamente com isso, foi o que aprendi na escola, que o genótipo tem que ver com cor dos olhos, cabelo, etc." 17.EN.PG.(DT)

Outro estudante de doutorado falou:

"Eu concordo com isso, pelo que eu entendo é quase como está aqui, o genótipo sendo a informação biológica, que na verdade é essa arrumação dos nucleotídeos de forma linear e que o fenótipo é a manifestação dessa informação, e aqui ele aborda bastante são características morfológicas, que são visuais, a gente consegue ver, fisiológicas, bioquímicas, eu acho que desde o momento que ocorre a transcrição você já tem fenótipo, um RNA mensageiro ou RNA transcrito na minha opinião já é um fenótipo, ou até quase comportamentais, acho que abrange bem o fenótipo, acho que pelo que eu aprendi a gente enxerga o fenótipo como algo visual, o que pode vê, o cor de cabelo, a pele, mais a bioquímica por exemplo que é o que a gente estuda, o que a gente não pode ver, é difícil para os estudantes da graduação ou da escola, enxergar que isso também é um fenótipo, eu concordo com que está ai." 20.EN.PG.(DT)

Nos dois relatos observamos duas ideias, a primeira é que uma aluna relatou que isso foi o que aprendeu na escola. Então, cadê os estudos posteriores, graduação e mestrado? Isso foi um achado interessante, pois esquecer conhecimentos básicos pode ser uma consequência inevitável do processo de especialização, na qual vamos esquecendo questões básicas que podem se tornar problemáticas. E o segundo caso é o conceito de fenótipo do estudante citado acima, mesmo que não seja o objeto de nosso trabalho um conceito de fenótipo que comece pelo RNA, pode ser verdadeiro em outro contexto de pesquisa (KIM & EBERWINE, 2010), se pensamos no papel dos RNAs como moléculas ativas na regulação genica, na catalise, etc., é como se fosse genótipo e fenótipo ao mesmo tempo; mas na fala do entrevistado ele atrela a sequencia linear dos nucleotídeos como se fosse uma forma de informação determinante do fenótipo até no

comportamento do organismo. Mas os dados não fornecem mais informação, pelo que é necessário testar possíveis hipóteses em relação nesses resultados.

Alguns padrões interessantes emergem dos dados: a compreensão do gene como unidade de herança (conceito mendeliano) goza de grande aceitação, mas não ao ponto de predominar na escolha forçada, mesmo sendo selecionado pela maioria dos pesquisadores, em todos os níveis de formação, na escolha livre. O conceito molecular clássico teve grande adesão dos entrevistados, tanto na escolha livre quanto na forçada, não importando se eram estudantes de graduação ou pós-graduação, ou professores. Na escolha forçada, a concepção informacional teve maior aceitação entre os graduandos, mas se mostrou frequente em todos os grupos de entrevistados na escolha livre. O conceito de gene-P teve pouca aceitação, não sendo selecionado na escolha forçada e mostrando-se pouco frequente na escolha livre, especialmente entre os professores, o que sugere uma rejeição de visões deterministas genéticas, que aumenta quanto mais experiência e conhecimento o pesquisador possui. A concordância com o conceito molecular processual aumentou de frequência com o nível de conhecimento e experiência do pesquisador na escolha forçada e, em certa medida, na escolha livre, embora, neste caso, tenha sido mais selecionado pelos alunos de pós-graduação do que pelos professores.

As respostas das perguntas 9,10 e 11, sobre modelos de função genica, mostram achados interessantes.

Na questão 9, por exemplo, as três turmas de entrevistados escolheu a alternativa “Codificar estrutura primaria de polipeptídios”. Mas numa tendência oposta ao esperado, os professores mostraram maior inclinação por esta categoria do que os graduandos e pós-graduandos. Mesmo que a diversidade de repostas dos professores fosse mais diversa, devido a que escolheram outras alternativas oferecidas na entrevista, o análise é o mesmo porque as outras alternativas escolhidas foram “Programar ou instruir função celular ou desenvolvimento” e “Controlar metabolismo celular”, é dizer, predominou nos professores uma visão no meu modo de ver genecêntrica, na medida em que o gene é visto como o ator principal nos processos celulares.

No caso dos estudantes de graduação e pós-graduação, ficou mais marcada essa tendência, pois suas repostas foram menos diversas e mais inclinadas nas

categorias “Codificar estrutura primaria de polipeptídios” e “Programar ou instruir função celular ou desenvolvimento” o que indica a visão sobre os genes nas células descrita linhas acima.

No caso da questão 10, os estudantes de pós-graduação os que apresentaram maior diversidade nas suas respostas do que os professores e graduandos, no nosso análise dos dados ficou que muitos alunos de pós-graduação tinham superposições nos modelos de função genica, isto é, que lhes são atribuídos diferentes funções que podem, como neste caso contrapor-se uns a outros, por exemplo, um estudante de mestrado mostrou uma superposição dos modelos “*Transmitir caracteres hereditários*” e “Programar ou instruir função celular ou desenvolvimento” que é uma superposição de dois modelos que apresenta conflito.

A sua resposta foi assim:

Se eu penso em genes como **a menor unidade informativa que eu consigo deixar como herança para a prole**, a função do gene é essencial, é a função básica da herança, **sem gene não há herança**, sem gene não há informação, para mim **o gene é uma sequencia informativa é essa informação é a que passa para a prole**. 11.EN.PG(MT)

Mas no final a grande porcentagem das turmas inclinou-se pela categoria “*Transmitir caracteres hereditários*”.

Na questão 11, mesmo que as respostas dos entrevistados dos três grupos foram diversas, o dado mais interessante foi a diminuição na sua frequência da categoria “Programar ou instruir função celular ou desenvolvimento” no sentido de nossa previsão na hipótese, nesta questão as repostas dos pós-graduandos e professores foi bem próxima, enquanto que os graduandos ficaram em sua grande maioria nas posições já criticadas.

Um achado interessante obtido nas entrevistas, e que apareceu numa proporção pequena que não dá para fazer inferências maiores, mas que também apareceu na pesquisa de Meyer (2010) é a tendência a retornar aos modelos que estão fortemente arraigados na formação das pessoas, ainda sendo criticados minutos antes.

Por exemplo, o “Conceito Molecular Clássico”, apresentado na questão 3, foi rejeitado por dois entrevistados, um professor e um aluno de mestrado de forma

contundente, mas reapareceu de forma clara quando lhes foi perguntado pelas funções nas células.

Por exemplo, um professor num momento da entrevista falou que o conceito de gene trazido na questão 3 estava totalmente desfasado, o que é verdade, mas quando foi solicitado responder vários minutos depois sobre o que ele achava sobre a função dos genes na herança, ele apresentou a uma visão do mesmo modelo que ele tinha rejeitado momentos antes:

"Eu acho que é um conceito desfaçado... [acha que é um conceito desfaçado?]⁹ sim, sim, [porque?] principalmente nessa primeira fase...aqui ó..."*Em termos moleculares, um gene é usualmente definido como toda a sequência de ácido nucléico que é necessária para a síntese de um polipeptídio funcional"*...**eu diria que tem regiões do genoma que não estão envolvidas com nenhum polipeptídio, e que ainda assim seria um gene**, porque tem uma determinada função...ele fala no caso no final na última frase ele dá um exemplo do procaríotos e sequências que estão "milhares de pares de bases"...distante de uma região codificadora que seria por exemplo aqueles enhancers, uma sequência de DNA que se dobra para aumentar a taxa de transcrição daquela região...mais ainda assim eu acho que tem outros tipos de interação que não são necessariamente produzir um peptídeo ou função de um organismo...eu acho que é difícil determinar...**a única maneira de a gente achar o gene num genoma é partindo da ideia de transcrição**...então sempre quando nós temos um genoma, de novo, um genoma de um organismo que ainda não foi sequenciado...**você vai procurar para aquelas regiões que se chamam de ORF, que são regiões abertas de leitura, são regiões que tem todo para produzir uma leitura e ser transcritas mais que a gente não faz a mínima ideia se ele é transcrito e que tipo de produto ela gera**...então a gente neste momento se haja limitada como encontrar essas regiões que seriam transcritas e traduzidas...a gente só tem essa limitação pelas ORF, mais eu diria que é um conceito já um pouco mais amplo considerando que nem sempre tem que ser transcrito e traduzido...mais eu ainda assim eu considero que esta um pouco desfaçado..." (08.EN.PF)

No entanto quando foi solicitado responder a sua opinião sobre as funções dos genes nas células, ele respondeu da seguinte forma;

"Bom, **elas codificam as todas estruturas proteicas que compõem a célula**...a maioria delas quase que a totalidade delas vem dos genes, toda a maquinaria, digamos assim, da membrana celular, da membrana nuclear, as estruturas internas, todas as estruturas proteicas delas vem dos genes...por exemplo os ribossomos, são transcritos de RNA que compõem a estrutura para o desenvolvimento da célula por exemplo...então tem o número de ribossomos que são transcritos dos genes para célula...**então ela basicamente atua produzindo toda a estrutura proteica responsável para que ela faça...ou para manutenção, ou para estrutura funcional daquela célula...ok?**" (08.EN.PF)

O estudante de mestrado falou assim na questão 03:

É, na verdade, é o que eu tinha falado antes...ele traz um pouco a ideia do gene como um...veja aqui ó..."*Em termos moleculares, um gene é usualmente definido como toda a sequência de ácido nucléico"*... da a ideia de que um gene ele é responsável, né...a gente tem essa ideia de que o gene transcreveu ou traduziu uma proteína, a proteína vai virar a uma determinada característica, então...esse conceito ele mantém aquela ideia de gene e

⁹ As negritas entre os colchetes são as intervenções do entrevistador. As demais ênfases são para que o leitor possa observar os momentos mais interessantes da fala, mas não necessariamente correspondem à ênfase do entrevistado.

característica direta...né...[**então essa definição você acha que esta errada?**] **ele é superficial**, né...aquela coisa para você entender... assim, mas pelo fato de ser daqui da biologia né é bem superficial...para estudantes de biologia vamos dizer assim, é superficial, mais é uma definição né... para leigos ...para um melhor entendimento, melhor didática e todo... mais é errada...né... **a gente sabe hoje em dia que não é tão simples assim**...como parece...mais é válido...é errado porem, eu acredito que é valido...é complicado ser tão específico assim, mais acabo perdendo as ideias de como entender os outros processos...né...em fim...ai quem trabalha na área vai se especializar..." 11.EN.PG(MT)

Mas quando lhe foi perguntado pela função dos genes nas células a sua resposta foi a seguinte:

"então **conjuntamente a produção de proteínas** né...para sua utilização na célula...e as **funções que vão levar de certa forma a permitir todas as funções** né...não a produção de proteínas em si, mais as funções da célula né...assim por exemplo... não sei agora fiquei na duvida...pensando melhor aqui no nível celular...eu já ouvi falar disso mais...acho que é produzir proteínas mais não necessariamente para a célula né...[**seria então para produção de proteínas?**] sim é..." 11.EN.PG(MT)

Em resumem podemos argumentar que o processo progressão em nossos conhecimentos é bem complexo que apresenta diversas variáveis para ter em conta no seu analise.

Acreditamos que mesmo que os achados foram muito importantes para futuras pesquisas, a entrevista não possui todos os elementos para fazer inferências determinantes sobre o nível real de conhecimentos de qualquer dos entrevistados, mas deu algumas ideias de futuras pesquisas.

Por exemplo, este trabalho sugere investigações que possam mesurar de forma mais abrangente as relações entre os discursos dos professores sobre os genes que, na frente de algumas perguntas foram conceitos atualizados com as discussões atuais a seu respeito, mas em outras questões as suas respostas mostraram falências nessas abordagens. Num padrão similar, mas em menor escala aconteceu com os estudantes de graduação e pós-graduação.

5. Conclusões

É possível que tenhamos posições românticas em relação ao que deveria saber um estudante ou professor em determinados níveis? Muitas vezes acreditamos que as pessoas, pelo fato de ter níveis superiores nos seus estudos, têm maiores conhecimentos em determinados assuntos, no entanto a realidade pode nós mostrar que não é sempre assim.

Esta dissertação teve como objetivo geral investigar como os estudantes comprometidos em pesquisas em Biologia Molecular e Genética na UFBA e professores da área lidam com os conceitos de genes e modelos de função genica no Instituto de Biologia da UFBA (IBIO).

Começamos o nosso trabalho com a hipótese inicial de que os estudantes na medida em que progredem nos seus conhecimentos em Genética e Biologia Molecular, e que os professores teriam conceitos mais aprofundados sobre os genes, reconhecendo dificuldades dos conceitos mais aceitos, como o molecular clássico, além de um maior conhecimento sobre interpretações alternativas sobre genes.

Contudo, os dados mostraram que o conhecimento neste assunto não segue uma linha ascendente, livre de quedas e irregularidades. Os resultados demonstraram que existe uma forte disparidade na formação dos alunos e professores em relação aos conceitos de gene.

Por exemplo, as respostas nas entrevistas e seu análise posterior, demonstraram que em vários momentos as respostas esperadas nos grupos entrevistados nem sempre foi alcançada, nos professores, por exemplo, esperávamos um padrão consistente em suas respostas em relação aos seus conceitos e modelos sobre genes e função genica, assim, esperava-se conceitos e modelos de função dos genes próximos aos modelos contemporâneos e processuais onde os genes não são mais os “chefes” nas células, que são apenas um dos “trabalhadores”, nessa sinergia que é a célula e o seu ambiente, mas encontramos que foi enxergado em sua grande maioria apenas como codificadores de proteínas, como mostrado na questão 9.

O mesmo padrão foi observado nos estudantes de pós-graduação. Ali, nesse grupo esperávamos respostas mais próximas dos professores, mais aceitando possíveis proximidades com os graduandos, mas a questão 6, por exemplo, um texto extremamente polemico, como já descrito, encontramos que foram precisamente este grupo de estudantes que o aceitou de forma maioritária.

E por fim, no caso dos estudantes de graduação que esperávamos respostas mais simples e menos elaboradas, foi em vários casos, melhores do que esperávamos em relação aos alunos de pós-graduação como, por exemplo, na

questão 4, sobre emenda alternativa, na qual observaram com maior frequência desafios ao “Conceito Molecular Clássico” muito melhor do que os pós-graduandos.

Em outras questões importantes, como a dimensão histórica e filosófica do conceito de gene, observamos uma ausência quase total nos discursos, sobre todo nos professores.

Em relação a sua historicidade, por exemplo, o termo gene é um conceito que tem a sua própria história, uma história que é dinâmica que tem progredido com os avanços das pesquisas, nesse sentido o conceito de gene é visto hoje como um conceito em fluxo (JOAQUIM & EL-HANI, 2010; MEYER et al. 2013; EL-HANI, 2014; 2016), mas na maioria dos entrevistados das três turmas, não foi observado um abordagem histórico do conceito.

Em relação com a filosofia da ciência ou pelo menos da filosofia da biologia, não foi observada uma abordagem relacionada com os modelos na ciência e a sua relação com a realidade, ou questões como instrumentalismo e realismo, que são muito importantes na hora de ensino destes assuntos.

Em linha com outros estudos, (MEYER, BOMFIM & EL-HANI, 2013, JOAQUIM, 2009) os dados aqui apresentados sugerem a necessidade de inclusão, no ensino sobre genes e função gênica nas disciplinas de Genética e Biologia Molecular, debates recentes sobre o conceito de gene, assim como avanços em sua compreensão. O ensino a esse respeito pode beneficiar-se da introdução de abordagens históricas e filosóficas da ciência, por exemplo, que incorporem um ensino *sobre* e *com* modelos e discutam as relações complexas entre modelos e realidade, e seus contextos históricos de construção e aplicação.

É interessante perceber que, segundo vários pesquisadores entrevistados, a causa principal da ausência dessas discussões no ensino é a falta de tempo em sala de aula para introduzir propostas de ensino que favoreçam o entendimento dos alunos de diferentes modelos de função gênica e conceitos de gene, considerando-se seus domínios de aplicação e seus limites.

Os dados aqui apresentados limitam-se, no entanto, a apenas uma comunidade de pesquisadores de uma Universidade Federal brasileira. O estudo de outras comunidades de pesquisadores e estudantes em outros contextos ou em outras instituições se faz necessário, para que possamos construir um entendimento

mais amplo da relação entre os conhecimentos dos pesquisadores e alunos a respeito dos conceitos de gene e função gênica e a percepção dos desafios por eles enfrentados.

6. Referencias

- ADAMI, C. Information theory in molecular biology. *Physics of Life Reviews* , 1: 3-22. (2004).
- AVELO & UITTO. Genetic determinism in the finnish upper secondary shool biology textbooks. *NorDiNa* , 11:139-152. (2015).
- AMARA, ROSENFELD, EVANS. Alternative RNA processing in calcitonin gene expression generates mRNAs encoding different polypeptide products. *Nature*, 240 - 244(15 de July de 1982).
- BEADLE, G. W. & TATUM, E. L. Genetic control of biochemical reactions in Neurospora. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States*, 27: 499-506. (1941).
- BERGET, S. M., MOORE, C. & SHARP, P. A. Spliced segments at the 5' terminus of adenovirus 2 late mRNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States* , 74: 3171-3175. (1977).
- BEURTON, P. J. A unified view of the gene, or how to overcome reductionism. In: R. F.-J. P. Beurton, *The Concept of the Gene in Development and Evolution: Historical and Epistemological Perspectives* (pp. 286-314). Cambridge: Cambridge University Press. (2000).
- BURIAN, R. M. On conceptual change in biology: the case of the gene. In: D. J. (Eds.), *Evolution at a Crossroads: The New Biology and the New Philosophy of Science* (pp. 21-24)). Cambridge: MA: The MIT Press. (1985).
- _____. "Historical realism", "contextual objectivity" and changing concepts of the gene. . In: I. L. (Eds.), *The Philosophy of Marjorie Grene* (pp. 339-360). Peru: IL: Open Court Library of Living Philosophers. (2002).
- CRICK, F. H. On protein synthesis. *Symposium of the Society of Experimental Biology*, 12:138-163. (1958).
- DUKE & BECK. Education shoul consider alternative formats for the dissertation. *educational researcher*, 3, 28:31-36. (1999).
- EL-HANI, C. N. Between the cross and the sword: The crisis of the gene concept. *Genetics and Molecular Biology*, 297-307. (2007).
- _____. O gene na virada do século XX para o XXI. In: C. E.-H. Olival Freire Junior, *Ciência na Transição dos Seculos, Práticas e Historicidade*. (pp. 57-104). SALVADOR: UFBA. (2014).
- _____. *Repensando o gene na era pós -genômica*. São Paulo: tese para progressão ao professor titular UFBA. (2016).
- _____. Mendel in genetics teaching: some contributions from history of science and articles for teachers. *Science & Education* , 24: 173-204. (2015).

- _____, QUEIROZ, J. & EMMECHE, C. A semiotic analysis of the genetic information system. . *Semiotica*, Semiotica. (2006).
- FALK, R. what is a gene. *Studies in the History and Philosophy of Science*, 17, 133-173. (1986).
- _____. The gene. A concept in tension. *The concept of the gene in development and evolution*, Cambridge University Press. (2000).
- _____. The Allusion of the Gene: Misunderstandings of the Concepts Heredity and Gene. *Science Education*, 273–284. (2014).
- FLODIN. The necessity of making visible concepts with multiple meanings in science education: the use of gene concept in a Biology. *Science & Education*, 18: 73-94(2009).
- FOGLE, T. Are Genes Units of Inheritance. *Biology and Philosophy*, 5, 349-371. (1990).
- _____. The Concept of the Gene in Development and Evolution. *Cambridge: Cambridge University Press*.(Cambridge: Cambridge University Press.), 3-25. (2000).
- GELINAS & ROBERTS. One Predominant 5'-Undecanucleotide in Adenovirus 2 Late Messenger RNAs. *MIT*, 533-544. (1977).
- GERICKE M. N. & HAGBERG M. Definition of historical models of gene function and their relation to students' understanding of genetics. *Sci & Educ*, 849–881. (2007).
- _____. Conceptual Incoherence as a result of the use of multiple historical models in school textbooks. *Research in Science Education*, 40:605-623. (2010a).
- _____. Conceptual variation in the depiction of gene function in upper secondary school textbooks. *Science & Education*, 963-994. (2010b).
- _____, JORDE, D. Upper secondary students' understanding of the use of multiple models in Biology Textbooks — The importance of conceptual variation and incommensurability. *Research in Science Education* , 43: 755-780. (2013).
- GERICKE, N.; HAGBERG, M.; SANTOS, V. C.; JOAQUIM, L. M. & EL-HANI, C. N. Conceptual variation or Incoherence? Textbook discourse on genes in six countries. *science & education*, 23:381-416. (2014).
- GERSTEIN, MARK, & ZHENG, DEYOU. Pseudogenes. *Investigacion y Ciencia*. (2007).
- GINGERAS, T. R. Origin of phenotypes: genes and transcripts. *Genome Research*, 17: 682-690. (2007).
- GRIFFITHS. Genetic Information: A metaphor in search of a theory. *Philosophy of Science*, 394-412. (2001).
- _____, EVA M. NEUMANN-HELD. The Many Faces of the Gene. *BioScience*, Vol. 49, No. 8. (Aug., 1999), pp. 656-662, 49, 656-662. (Agosto de 1999).

- HENIKOFF, S., Keene, M.A., Fechtel, K. & Fristrom, J.W. Gene within a gene: Nested Drosophila genes encode unrelated proteins on opposite DNA strands. *Cell*, 44: 33-42. (1986).
- JOAQUIM L. M; EL-HANI, C. N. A genética em transformação: crise e revisão do conceito de gene. *Sci Stud*, 8, 93-128. (2010).
- _____. *GENES: QUESTÕES EPISTEMOLÓGICAS, CONCEITOS RELACIONADOS E VISÕES DE ESTUDANTES DE GRADUAÇÃO*. Salvador, BA: universidade Federal da Bahia, dissertação de Mestrado (2009).
- KAMPA, D., Cheng, J., Kapranov, P., Yamanaka, M., Brubaker, S., Cawley, S., Drenkow, J., Piccolboni, A., Bekiranov, S., Helt, G., Tammana, H. & Gingeras, T. R. Novel RNAs identified from an in-depth analysis of the transcriptome of human chromosomes 21 and 22. *Genome Research*, 14: 331-342. (2004).
- KAMPOURAKIS, K. Mendel and the Path to Genetics: Portraying Science as a Social Process. *Sci & Educ*(springer), 22: 293–324. (november de 2013).
- KAY, L. E. *Who Wrote the Book of Life? A History of the Genetic Code*. Redwood City, CA: Stanford University Press. (2000).
- KELLER, E. F. *The Century of Gene*. Cambridge, Massachusetts, and London, England: Harvard University Press. (2002).
- _____. The century beyond the gene. *Journal of Biosciences*, 30:3-10. (2005).
- KITCHER, P. Genes. *British Journal for the Philosophy of Science*, 33: 337-359. (1982).
- JOAQUIM, L. M.; V. CARVALHO ds SANTOS, A. M. ROCHA, J. C. MAGALHÃES, C. N. EL-HANI. *CONCEPÇÕES DE ESTUDANTES DE GRADUAÇÃO DE BIOLOGIA DA UFPR E UFBA SOBRE GENES E SUA MUDANÇA PELO ENSINO DE GENÉTICA*. Fonte: <http://repositorio.ufba.br/ri/handle/ri/16041>(2014).
- LEITE, M. Hegemonia e crise da noção de “gene” nos 50 anos do DNA. (setembro de 2003).
- _____. *PROMESSAS DO GENOMA*. SÃO PAULO: UNESP. (2006).
- LIKERT.. A technique for the measurement of attitudes. (woodworth, Ed.) *Archives of psychology*, 22, 22: 5-55. (june de 1932)
- MEYER & EL-HANI. COMO ENSINAR A ESTUDANTES UNIVERSITÁRIOS DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS E DE CIÊNCIAS DA SAÚDE SOBRE A CRISE DO CONCEITO DE GENE? *Universidade federal da Bahia, Dissertação de Mestrado 2010* (2010).
- PABÓN, J. R. *TESIS DOUTORAL: LA RELACIÓN ENTRE EL REDUCCIONISMO Y LA BIOLOGÍA: ANÁLISIS FILOSÓFICO EN EL CONTEXTO DE LA GENÉTICA, LA EVOLUCION Y EL DESARROLLO*. Valencia, Espanha.: Sant Celoni. (2014).
- PARDINI, M. I. M. C. & GUIMARÃES, R. C. A systemic concept of the gene. *Genetics and Molecular Biology*, 15: 713-721. (1992).
- PIRASTU, N., Kooyman, M., Traglia, M., Robino, A., Willems, S. M., Pistis, G., Amin, N., Sala, C., Karssen, L. C., Van Duijn, C., Toniolo, D. & Gasparini, P. A

- genome-wide association study in isolated populations reveals new genes associated to common food likings. *Reviews in Endocrine and Metabolic Disorders* , 17: 209-219. (2016).
- PITOMBO et al. Conceitos de gene e idéias sobre função gênica em livros didáticos de biologia celular e molecular do ensino superior. *Contexto & Educação*, 81-110. (2008).
- PORTIN, P. The concept of the gene: Short history and present status. *Quarterly Review of Biology*, 173-223. (1993).
- QUELLE, D. E. Alternative reading frames of the INK4a tumor suppressor gene encode two unrelated proteins capable of inducing cell cycle arrest. *Cell* , 83: 993-1000. (1995).
- RHEINBERGER, H.-J. Gene concepts: fragments from the perspective of molecular biology. In: R. F.-J. P. Beurton, *The Concept of the Gene in Development and Evolution: Historical and Epistemological Perspectives* (pp. 219-239). Cambridge: Cambridge University Press. (2000).
- SANTOS, V. C. & EL-HANI, C. N. Idéias sobre genes em livros didáticos de Biologia do ensino médio publicados no Brasil. *Revista Brasileira de Pesquisa em Educação em Ciências*. (2009).
- _____, JOAQUIM, L. M. & EL-HANI, C. N. Hybrid deterministic views about genes in biology textbooks: a key problem in genetics teaching. *Science & Education*, 21: 543-578. (2012).
- SCHERRER, K. & JOST, J. The gene and the genon concept: coding versus regulation. A conceptual and information-theoretic analysis storage and expression in the light of modern molecular biology. *Theory in Biosciences*, 126: 65-113. (2007b).
- SCHERRER, K. & JOST, J. The gene and the genon concept: a functional and information-theoretic analysis. *Molecular System Biology*, 3: 1-11. (2007a).
- SCHWARTZ, J. The Differential Concept of The Gene: Past And Present. In: F. R.-J. Beurton P, *The concept of the gene in development and evolution* (pp. 26-40). Cambridge: Cambridge University Press. (2008).
- 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).
- VENTER, J. C., Adams, M. D., Myers, E. W., Li, P. W., Mural, R. J., Sutton, G. G. et. al. The sequence of the human genome. *Science*, 291: 1305-1351. (2001).
- WANG, W., ZHANG, J., ALVAREZ, C., LLOPART, A. & LONG, M. Alternative isoform regulation in human tissue transcriptomes. *Nature*, 470-476. (2000).

Conclusões gerais

Os resultados obtidos na presente pesquisa indicam a necessidade de transformar o ensino sobre genes e função gênica, de modo a criar melhores condições para os contextos históricos de sua construção e os contextos apropriados para sua aplicação. Em nosso entendimento, uma abordagem dos conceitos de gene e função gênica informada por uma dimensão histórica e filosófica ajudaria a criar condições para uma compreensão mais adequada da diversidade estrutural do gene molecular, e, conseqüentemente, com as suas diferentes visões epistemológicas para que os estudantes apresentem um olhar mais crítico com relação à definição de gene como unidade de estrutura e/ou função.

As diferenças observadas entre as diferentes turmas em quanto as suas visões sobre os genes assim como as diferenças entre os alunos de cada turma, mostra uma ausência de um trabalho dirigido na faculdade em ensinar tendo em conta os contextos históricos e filosóficos na construção dos diferentes conceitos usados na prática científica.

Chama a atenção a alta frequência nas dificuldades na explicação dos fenômenos de “genes sobrepostos” por parte dos estudantes de graduação, que pode ser explicado pela heterogeneidade dessa turma que tinha não só estudantes de outros programas, mas também de estudantes de níveis de graduação bem baixos.

Na verdade precisa-se de estudos mais aprofundados que possam fornecer resultados mais abrangentes produto de observações mais alongadas no tempo, seja na sala de aula ou nos laboratórios. A entrevista, que é uma excelente ferramenta de coleta de dados, é insuficiente para dar conta da vida num laboratório, que tem a sua própria dinâmica, tem seus tempos tanto individuais quanto coletivos, e muitas outras pressões.

No entanto nosso trabalho teve duas partes, na qual um delas foi descrito no artigo apresentado para a defesa, a outra, feita na sala de aula, não foi apresentada para discussão neste trabalho de dissertação, pois faltou

o tempo necessário para apresentar um artigo de qualidade pra ser avaliado por a banca. Os dados, já analisados, validados e analisados, ficaram para um artigo que será apresentado depois.

Lista completa de referências

- ADAMI. Information theory in molecular biology. *Physics of Life Reviews*, 1: 3-22. (2004).
- AGUSTÍN MERCADO-REYES, PABLO PADILLA-LONGORIA, ALFONSO ARROYO-SANTOS. Objects and processes: Two notions for understanding biological information. *Elsevier*, 115-122. (2015).
- ALLEN, G. E. Origins of the classical gene concept, 1900-1950: Genetics, Mechanistic, Philosophy, and the capitalization of agriculture. *Perspectives in Biology and Medicine*, 8-39. (2014).
- AMARA, ROSENFELD, EVANS. Alternative RNA processing in calcitonin gene expression generates mRNAs encoding different polypeptide products. *Nature*, 240 - 244(15 de July de 1982).
- ANTHONY J. VIERA; JOANE M. GARRETT. understanding Interobserver Agreement: The Kappa statistic. *Family Medicine*, 360-363. (2004).
- BALL, D. L., FEIMAN-NEMSER, S. Using textbooks and teachers' guides: A dilemma for beginning teachers and teacher educators. *Curriculum Inquiry*, 18, 401-423. (1988).
- BARDIN, L. *Análise de conteúdo (Content analysis)*. Lisboa, Portugal: Edições 70 (2000).
- BARTOL, J. Re-examining the Gene in Personalized Genomics. *Science Education*, 2529–2546. (2013).
- BEADLE, G. W. & TATUM, E. L. Genetic control of biochemical reactions in Neurospora. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States*, 27: 499-506. (1941).
- BERGET, MOORE & SHARPSpliced segments at the 5' terminus of adenovirus 2 late mRNA. . *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States*, 74: 3171-3175. . (1977).
- BEURTON, P. J. A unified view of the gene, or how to overcome reductionism. In: R. F.-J. P. Beurton, *The Concept of the Gene in Development and Evolution: Historical and Epistemological Perspectives* (pp. 286-314). Cambridge: Cambridge University Press. (2000).
- BOGDAN, R; BLIKEN, S. *Investigação qualitativa em educação: uma introdução à teoria e aos métodos*. (P. Editora, Ed.) (2010).
- BURIAN, R. & KAMPOURAKIS, K. Against "Genes For": Could an Inclusive Concept of Genetic Material Effectively Replace Gene Concepts? *The Philosophy of Biology a Companations for Educators*, 597-629. (2013).
- CAMPOS, VINICIUS. F. MicroRNAs e seu papel no desenvolvimento embrionário. *Ciência Rural*, 85-93. (2011).
- COSTA & PACHECO. MicroRNAs: current perspectives of gene expression. *Biosaúde*, 14, 81-93. (2012).

- CRICK, F. H. On protein synthesis. *Symposium of the Society of Experimental Biology*, 12:138-163. (1958).
- DUKE & BECK. Education should consider alternative formats for the dissertation. *educational researcher*, 3, 28:31-36. (1999).
- EL-HANI, C. N. Between the cross and the sword: The crisis of the gene concept. *Genetics and Molecular Biology*, 297-307. . (2007).
- _____. O gene na virada do século XX para o XXI. In: C. E.-H. Olival Freire Junior, *Ciência na Transição dos Séculos, Práticas e Historicidade*. (pp. 57-104). SALVADOR: UFBA. (2014).
- _____. Mendel in genetics teaching: some contributions from history of science and articles for teachers. *Science & Education* , 24: 173-204. (2015).
- _____. *Repensando o gene na era pós -genômica*. São Paulo: tese para progressão ao professor titular UFBA. (2016).
- _____, QUEIROZ, J. & EMMECHE, C. A. semiotic analysis of the genetic information system. . *Semiotica*, Semiotica. (2006).
- EVANGELISTA, N. A. *O Conceito de Gene em Livros Didáticos de Biologia Celular e Molecular do Ensino Superior*. Salvador, BA: Programa de Pós-Graduação em Ensino, Filosofia e História das Ciências, UFBA/UEFS, Dissertação de mestrado. (2016).
- EVERTON DE BRITO OLIVEIRA COSTA, CRISTIANE PACHECO. MicroRNAs: current perspectives of gene expression. *Biosaúde*, 14, 81-93. (2012).
- FALK, R. what is a gene. *Studies in the History and Philosophy of Science*, 17, 133-173. (1986).
- _____. The gene. A concept in tension. *The concept of the gene in development and evolution*, Cambridge University Press. (2000).
- _____. The Allusion of the Gene: Misunderstandings of the Concepts Heredity and Gene. *Science Education*, 273–284. (2014).
- FARIAS CAMPOS, V; URTIAGA, G.; GONÇALVES B.; DESCHAMPS, J.C; COLLARES T. MicroRNAs e seu papel no desenvolvimento embrionário. *Ciência Rural*, 85-93. (2011).
- FLODIN. The necessity of making visible concepts with multiple meanings in science education: the use of gene concept in a Biology. *Science & Education*, 18: 73-94 (2009).
- FOGLE, T. (Are Genes Units of Inheritance. *Biology and Philosophy*, 5, 349-371. 1990).
- FOGLE, T. The Concept of the Gene in Development and Evolution. *Cambridge: Cambridge University Press*.(Cambridge: Cambridge University Press.), 3-25. (2000).
- GELBART, W. (1998). Databases in genomic research. *Science*, 659-661.
- GELINAS & ROBERTS. One Predominant 5'-Undecanucleotide in Adenovirus 2 Late Messenger RNAs. *MIT*, 533-544. (1977).

- GERICKE M. N. & HAGBERG M. Definition of historical models of gene function and their relation to students' understanding of genetics. *Sci & Educ*, 849–881. (2007).
- _____. *Science versus School-science*. Karlstad: Karlstad University Studies. (2008).
- _____, HAGBERG. Conceptual Incoherence as a result of the use of multiple historical models in school textbooks. *Research in Science Education*, 40:605-623. (2010a).
- _____. Conceptual variation in the depiction of gene function in upper secondary school textbooks. *Science & Education*, 963-994. (2010b).
- _____, JORDE. Upper secondary of the use of multiple models in Biology Textbook -the importance of conceptual variation and incommensurably. *Research in Science Education*, 43:755-780. (2013).
- _____. Clusters of concepts in molecular genetics: a study of Swedish upper secondary science students' understanding. *Journal of Biological Education*, 47: 73-83. (2013).
- _____, M.; SANTOS, V. C.; JOAQUIM, L. M. & EL-HANI, C. N. Conceptual variation or Incoherence? Textbook discourse on genes in six countries. *science & education*, 23:381-416. (2014).
- GERSTEIN, MARK, & ZHENG, DEYOU. Pseudogenes. *Investigacion y Ciencia*. (2006).
- GINEV. The Context of Constitution. Beyond the Edge of Justification. *Boston Studies in the Philosophy of Science*, 247. (2006).
- GINGERAS, T. R. Origin of phenotypes: genes and transcripts. *Genome Research*, 17: 682-690. (2007).
- GILBERT. Why genes in pieces? *Nature*, 271-301. (1978).
- GOLDBACH, T; EL-HANI N, C. Entre Receitas, Programas e Códigos: Metáforas e Idéias Sobre Genes na Divulgação Científica e no Contexto Escolar. *ALEXANDRIA Revista de Educação em Ciência e Tecnologia*, 1, n.1, , 153-189. (2008).
- GRIFFITHS, P. E. & EVA M. NEUMANN-HELD. The Many Faces of the Gene. *BioScience*, Vol. 49, No. 8. (Aug., 1999), pp. 656-662, 49, 656-662. (1999).
- _____, STOTZ, K. GENES IN THE POSTGENOMIC ERA. *Theoretical Medicine and Bioethics*, 499–521. (2006).
- GRIX, J. *The foundations of the research*. New York: palgrave macmillan. (2004).
- HALL, B. K. The gene is not dead, merely orphaned and seeking a home. *Evolution and Development*, 225-228. (2001).
- HENIKOFF et al. Gene within a gene: Nested Drosophila genes encode unrelated proteins on opposite DNA strands. *Cell*, 44: 33-42. (1986).
- I. SILVA, T. C. ORLANDO, V. R. MORENO-COTULIO, C.M. CAÇÃO P. Os conceitos de gene e DNA por alunos ingressantes na UNIFAL-MG e a. *Revista do Ensino de Bioquímica*, 12. (2014).

- IAN MARSHAL, SUSAN AL-KAZWINI, JENNY J. HOLMAN, PETER M. BROAD, MARK R. EDBROOKE, ROGER K. CRAIG. (1986). STRUCTURE, FUNCTION AND EXPRESSION OF THE HUMAN CALCITONIN/a-CGRP GENE. *Neuroendocrine Molecular Biology*, 1-16.
- JOAQUIM L. M; EL-HANI, C. N. A genética em transformação: crise e revisão do conceito de gene. *Sci Stud*, 8, 93-128. (2010).
- _____. *GENES: QUESTÕES EPISTEMOLÓGICAS, CONCEITOS RELACIONADOS E VISÕES DE ESTUDANTES DE GRADUAÇÃO*. Salvador, BA: universidade Federal da Bahia, dissertação de Mestrado (2009).
- KAMPA et al. Novel RNAs identified from an in-depth analysis of the transcriptome of human chromosomes 21 and 22. *Genome Research*, 14: 331-342. (2004).
- KAMPOURAKIS, K. Mendel and the Path to Genetics: Portraying Science as a Social Process. *Sci & Educ*(springer), 22: 293–324. (2013).
- KAY, L. E. *Who Wrote the Book of Life? A History of the Genetic Code*. Redwood City, CA: Stanford University Press. (2000).
- KELLER, E. F. *The Century of Gene*. Cambridge, Massachusetts, and London, England: Harvard University Press. (2002).
- _____. The century beyond the gene. *Journal of Biosciences*, 30:3-10. (2005).
- KENDLER, K. S. "A Gene for". The Nature of Gene Action in Psychiatric Disorders. *American Journal of Psychiatry*, 162, 1243-1252. (2005).
- KENNETH, K. M. "A Gene for...": The Nature of Gene Action. *Am J Psychiatry*, 7(162), 1243–1252. (2005).
- KIM & EBERWINE. RNA: State Memory and Mediator of Cellular Phenotype. *NCBI, National Center for Biotechnology Information*, 20, (6) 311-318. (2010).
- KNIGHT, R. Reports of the death of the gene are greatly exaggerated. *Biology and Philosophy*, 293–306. (2007).
- KRATHWOHL, D. A slice for advice. *Educational researcher*, 23 (1) 29-32,42. (1994).
- KRIPPENDORF, K. *Content Analysis: An Introduction to Its Methodology*. London: Sage Publications. (2004a).
- _____. Reliability in Content Analysis: Some Common Misconceptions and Recommendations. *Human Communication Research*, 30, 411-433. (2004b).
- L. KATE WRIGHT, J. NICK FISK, DINA L. NEWMAN. DNA → RNA: What Do Students Think the Arrow Means? *CBE—Life Sciences Education*, 338–348. (2014).
- L. M. JOAQUIM, V. CARVALHO ds SANTOS, A. M. ROCHA, J. C. MAGALHÃES, C. N. EL-HANI. *CONCEPÇÕES DE ESTUDANTES DE GRADUAÇÃO DE BIOLOGIA DA UFPR E UFBA SOBRE GENES E SUA MUDANÇA PELO ENSINO DE GENÉTICA*. Fonte: <http://repositorio.ufba.br/ri/handle/ri/16041>(2014).
- LEITE, M. Hegemonia e crise da noção de “gene” nos 50 anos do DNA. (2003).
- _____. *PROMESSAS DO GENOMA*. SÃO PAULO: UNESP. (2006).

- LEWONTIN, R. C. *BIOLOGY AS IDEOLOGY THE DOCTRINE OF DNA*. Ontario: House of Anansi Press. (1991).
- LICHTMAN, M. *Qualitative Research in Education: A user's Guide*. Thousand Oaks: Sage. (2010).
- LIKERT. A technique for the measurement of attitudes. (Woodworth, Ed.) *Archives of Psychology*, 22, 22: 5-55. (1932).
- LODISH, H. *Molecular Cell Biology*. (2003).
- M. B. GERSTEIN, C. BRUCE, J. ROZOWSKY. What is a gene, post-ENCODE? History and updated definition. *Genome Research*, 669-681. (2007).
- MATTICK, T. &. A global view of genomic information moving beyond the gene and the master regulator. *Trends in Genetics*, 26: 21-28. (2003).
- MAYR, E. *The Growth of Biological Thought: Diversity, Evolution, and Inheritance*. Cambridge-MA: Harvard University Press. (1982).
- MELO SALCEDO, L. De la polisemia de los conceptos. El concepto de gen como caso particular. *Biografía*, 6. (2013).
- MEYER, BOMFIM & EL-HANI. (2013). How to understand the gene in the 21st century. *Science & Education*, 22: 345-374.
- MOSS, L. Deconstructing the Gene and Reconstructing Molecular Developmental Systems. *Cambridge, MA: MIT Press*, 85-97. (2001).
- _____. What Genes Can't Do. *The Human Nature Review*, 317-320. (2003).
- NEUMANN-HELD, E. Let's talk about genes: The process molecular gene concept and its context. *Cycles of contingency: Developmental systems and evolution*, 69-84. (2001).
- OLIVEIRA & PACHECO. MicroRNAs: current perspectives of gene expression. *Biosaúde*, 81-93. (2012).
- P. CLEMENT & J. CASTÉRA. Multiple Representations of Human Genetics in Biology Textbooks. *Models and Modeling in Science Education*, 147-165. (2013).
- PABÓN, J. R. *TESIS DOUTORAL: LA RELACIÓN ENTRE EL REDUCCIONISMO Y LA BIOLOGÍA: ANÁLISIS FILOSÓFICO EN EL CONTEXTO DE LA GENÉTICA, LA EVOLUCION Y EL DESARROLLO*. Valencia, España.: Sant Celoni. (2014).
- PAN, Q., SHAI, O., LEE, L. J., FREY, B. J. & BLENCOWE, B. J. Deep surveying of alternative splicing complexity in the human transcriptome by high-throughput sequencing. *Nature Genetics*, 1413-1415. (2008).
- PARDINI, M.I.M.C. & GUIMARÃES R.C. A systemic concept of the gene. *Brasil Genet*, 713-721. (1992).
- PAUL E. GRIFFITHS & KAROLA STOTZ. GENES IN THE POSTGENOMIC ERA. *Theoretical Medicine and Bioethics*, 499-521. (2006).
- _____. Gene. *The Cambridge Companion to THE PHILOSOPHY OF BIOLOGY*, 85-102. (2008).

- PEARSON, H. What is a gene? *Nature*, 441, 399-401. (2006).
- PITOMBO et al. Conceitos de gene e idéias sobre função gênica em livros didáticos de biologia celular e molecular do ensino superior. *Contexto & Educação*, 81-110. (2008).
- PORTIN, P. The concept of the gene: Short history and present status. *Quarterly Review of Biology*, 173-223. (1993).
- QUELLE, D. E., ZINDY, F., ASHMUN, R. A. & SHERR, C. J. Alternative reading frames of the INK4a tumor suppressor gene encode two unrelated proteins capable of inducing cell cycle arrest. *Cell*, 83: 993-1000. (1995).
- RHEINBERGER, H.-J. Gene concepts: fragments from the perspective of molecular biology. In: R. F.-J. P. Beurton, *The Concept of the Gene in Development and Evolution: Historical and Epistemological Perspectives* (pp. 219-239). Cambridge: Cambridge University Press. (2000).
- _____. Heredity in the Twentieth Century Some Epistemological Considerations. *Public Culture*, 477-494. (2013).
- RICARDO WAIZBORT, GUSTAVO CIRAUDO SOLHA. Os genes interrompidos: o impacto da descoberta dos íntrons sobre a definição de gene molecular clássico. *REVISTA DA SBHC*, 5(1), 63-84. (2007).
- SALCEDO, L. C. *HISTORIA Y EPISTEMOLOGÍA DEL CONCEPTO GEN COMO REFERENCIA PARA SU ENSEÑANZA*. Tesis Doctoral, Universidad Pedagógica Nacional., Bogota. (2013).
- SANTOS, V.C. & EL HANI, C. N. Ideias sobre genes em livros didáticos de biologia do ensino médio publicados no Brasil. *Revista Brasileira de Pesquisa em Educação em Ciências*, 9. (2009).
- _____. *GENES, INFORMAÇÃO E SEMIOSE DO CONHECIMENTO DE REFERÊNCIA AO ENSINO DE BIOLOGIA DISSERTAÇÃO DE MESTRADO*. Salvador, Bahia(2008).
- _____, JOAQUIM; EL-HANI. Hybrid Deterministic Views About Genes in Biology Textbooks: A Key Problem in Genetics Teaching. *Springer Science Business Media*. (2012).
- SCHERRER & JOST. The gene and the genon concept: coding versus regulation. A conceptual and information-theoretic analysis storage and expression in the light of modern molecular biology. *Theory in Biosciences*, 65-113. (2007b).
- SCHNEIDER, E. et al. CONCEITOS DE GENE: CONSTRUÇÃO HISTÓRICO-EPISTEMOLÓGICA E PERCEPÇÕES DE PROFESSORES DO ENSINO SUPERIOR. *Investigações em Ensino de Ciências*, V16(2), 201-222. (2011).
- SCHWARTZ, J. The Differential Concept of The Gene: Past And Present. In: F. R.-J. Beurton P, *The concept of the gene in development and evolution* (pp. 26-40). Cambridge: Cambridge University Press. (2008).
- STOTZ, K., GRIFFITHS, P. E. & KNIGHT, R. How biologists conceptualize. *Studies in the History and Philosophy of Biological & Biomedical Sciences*, 647-673. (2004).

- THOMPSON WD, W. S. A reapraisal of the kappa coefficient. *Journal Clinical and Epidemiological*, 949-58. (1998).
- THULLER, P. Como nacio la Biologia Molecular. *Biologia Molecular*(CONACYT), 9-28. (1998).
- VENTER, J. C., Adams, M. D., Myers, E. W., Li, P. W., Mural, R. J., Sutton, G. G. et. al. (2001). The sequence of the human genome. *Science*, 291: 1305-1351.
- VIERA, A; GARRETT, J. G. Understanding Interobserver Agreement: The Kappa Statistic. *Family Medicine*, 360-363. (2005).
- WALTERS, R., CHIOCCHETTI, A. G. & FREITAG, C. M. The neurobiological basis of human aggression: a review on genetic and epigenetic mechanisms. *American Journal of Medical Genetics* , 171B: 650–675(2016).
- WANG, W., ZHANG, J., ALVAREZ, C., LLOPART, A. & LONG, M. Alternative isoform regulation in human tissue transcriptomes. *Nature*, 470-476. (2008).

Anexos

ANEXO 1.

Roteiro da entrevista aplicada

PROPOSTA DE ENTREVISTA AOS ALUNOS DA PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E BIODIVERSIDADE (PARA ESTUDANTES CURSANDO DISCIPLINAS)

Nome:

Graduação

Endereço Eletrônico

Idade

1. Por favor, leia a frase a seguir:

“Quanto mais os cientistas se especializam na genética molecular, mais difícil se torna estar certo sobre o que um gene realmente é” (Pearson, H. 2006. What is a Gene? *Nature* 441:399-401)

Qual sua opinião sobre esta frase?

2. Como você entende a relação entre genes e DNA?

3. O trecho a seguir foi retirado de um texto didático bastante utilizado por professores universitários, “Molecular Cell Biology”, de Harvey Lodish e colaboradores:

“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”.

Qual sua opinião sobre esse trecho?

4. Observe as figuras.

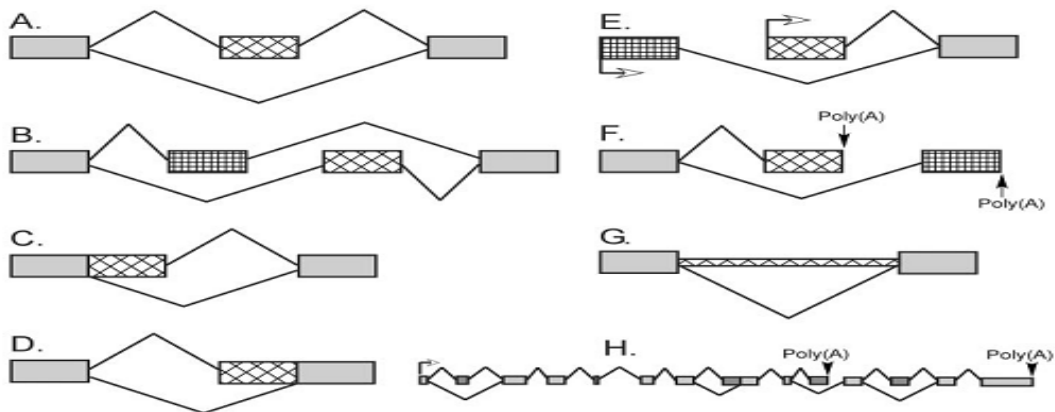
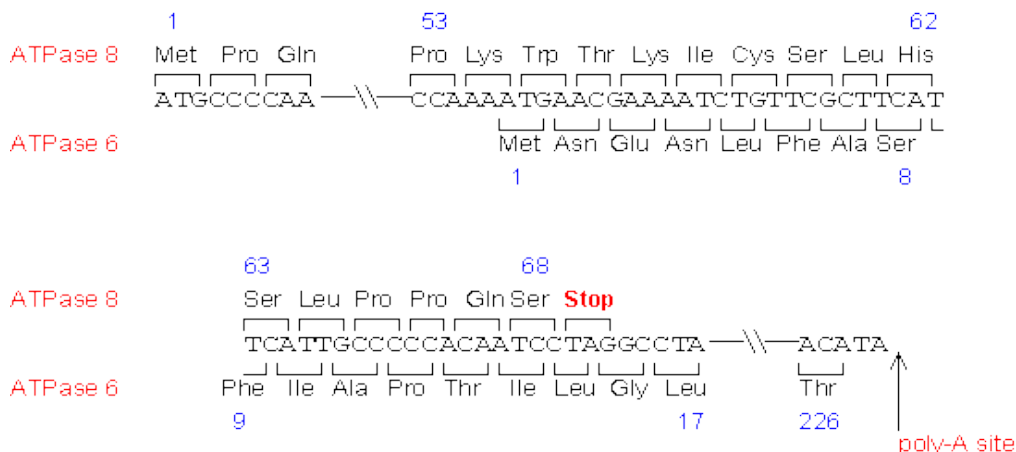


Figure 1 Patterns of alternative splicing. Constitutive sequences present in all final mRNAs are gray boxes. Alternative RNA segments that may or may not be included in the mRNA are hatched boxes. (A) A cassette exon can be either included in the mRNA or excluded. (B) Mutually exclusive exons occur when two or more adjacent cassette exons are spliced such that only one exon in the group is included at a time. (C, D) Alternative 5' and 3' splice sites allow the lengthening or shortening of a particular exon. (E, F) Alternative promoters and alternative poly(A) sites switch the 5'- or 3'-most exons of a transcript. (G) A retained intron can be excised from the pre-mRNA or can be retained in the translated mRNA. (H) A single pre-mRNA can exhibit multiple sites of alternative splicing using different patterns of inclusion. These are often used in a combinatorial manner to produce many different final mRNAs.

Molecular Biology of Gene. Seventh Edition. Watson, Baker, Bell, Gann, Levine, losik. 2014. Pág. 205. C OLD S P RING H AR BOR L ABORATORY P RE SS Cold Spring Harbor, New York

O fenômeno que as figuras mostram tem alguma importância para nosso entendimento do que é um gene? Qual?

5. Observe as figuras.



O fenômeno que as figuras mostram tem alguma importância para nosso entendimento do que é um gene? Qual?

6. Observe as figuras

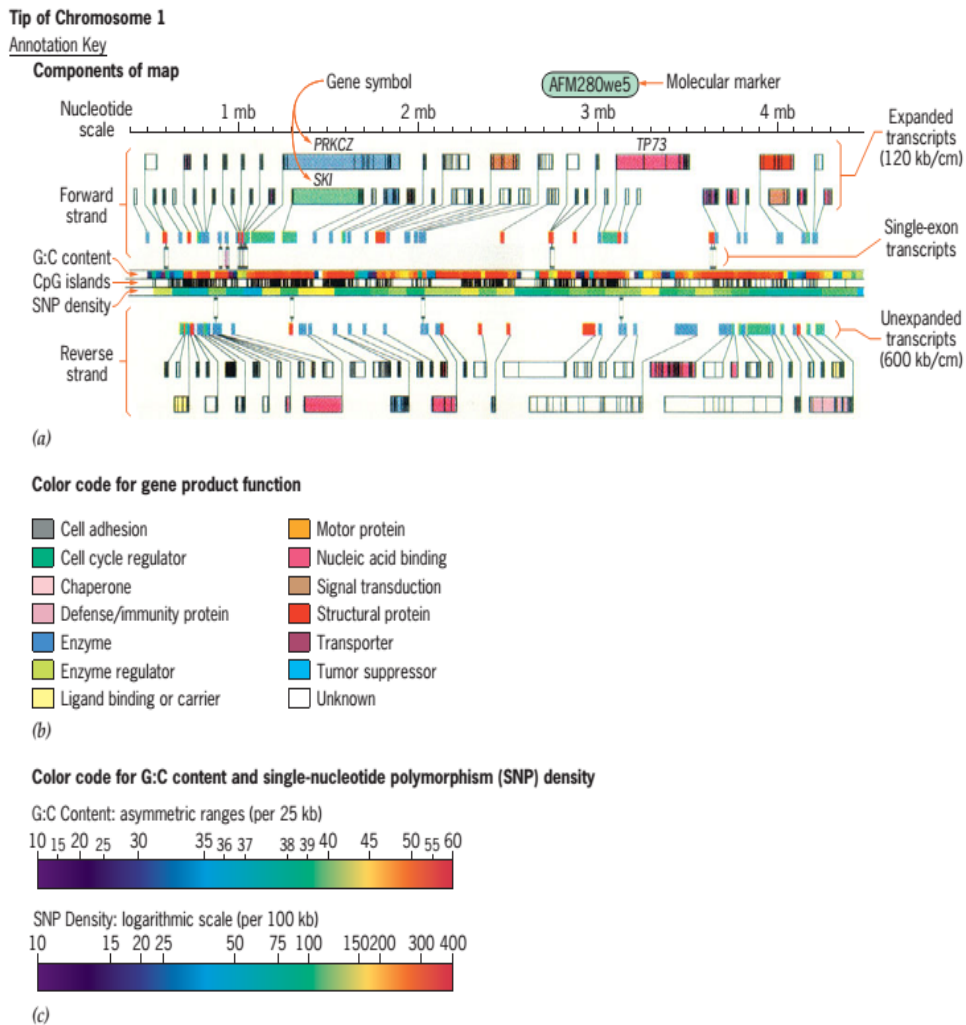


FIGURE 15.9 Annotated, sequence-based map of a 4-mb segment of DNA at the tip of human chromosome 1, assembled by researchers at Celera Genomics. (a) The top line gives distances in mb. The next three panels show predicted transcripts from one strand of DNA (the "forward strand"), whereas the bottom three panels show transcripts specified by the other strand of DNA (the "reverse strand"). The middle three panels give the G:C content, the positions of CpG islands, which occur upstream of genes, and the density of single-nucleotide polymorphisms (SNPs), respectively. (b) The color code for gene-product functions, and (c) the color codes for G:C content and SNP density.

Principles of Genetics, P. Snustad pag. 430

Em que consiste o procedimento que as figuras estão ilustrando? Como ele é realizado? Ele significa que somos capazes de realmente encontrar onde estão os genes no DNA?

7. Por favor, leia o texto a seguir:

“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”.

Qual sua opinião sobre esse trecho?

8. Quais das alternativas abaixo melhor caracteriza o que é um gene (ESCOLHA APENAS AQUELA ALTERNATIVA QUE VOCÊ PENSA QUE FORNEÇA A MELHOR COMPREENSÃO DO QUE É UM GENE)

- 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.

9. Quais das alternativas abaixo fornecem descrições aceitáveis do que é um gene (ESCOLHA TODAS AS ALTERNATIVAS ACEITÁVEIS SOBRE O QUE É UM GENE):

- 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.

10. Os genes cumprem funções importantes nas células. Quais as funções dos genes nas células?

11. Os genes cumprem funções importantes na herança. Quais as funções dos genes na herança?

12. Os genes cumprem funções importantes no desenvolvimento. Quais as funções dos genes no desenvolvimento?

13. Como ocorre a regulação da expressão gênica, em seu entendimento?

ANEXO 2.

Fórmulas matemáticas e procedimento para o análise de krippendorff.

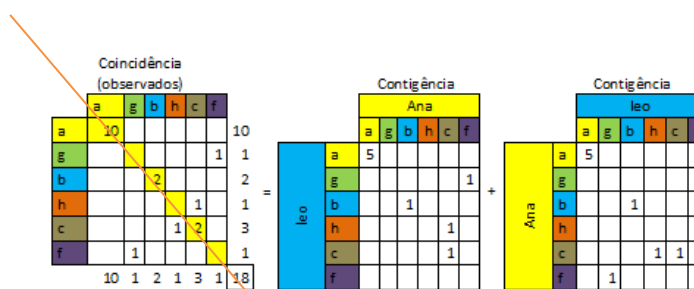
Anexo 03

Procedimento para obter o índice de Krippendorff:

Soma das matrizes de contingencia para obter a matriz de coincidência.

Estudante	L.V.09.E N.GR	
	Leo	Ana
Pergunta 1	a	a
Pergunta 2	g	f
Pergunta 3	a	a
Pergunta 4	a	a
Pergunta 5	a	a
Pergunta 7	b	b
Pergunta 10	h	c
Pergunta 11	a	a
Pergunta 12	c	c
Concordancia Krippendorff	77,7%	0,673

Diagonal de acordo observado



A soma das duas tabelas de observação produz a tabela de coincidência ou matriz transposta, krippendorff (228)

Figura 04. Exemplo de análises de concordância com o algoritmo de Krippendorff.

Matematicamente na tabela isso significa a fórmula aplicada.

Depois disso segundo krippendorff, são aplicadas as seguintes fórmulas para obter o índice de coincidência esperada e o índice de coincidência observada, assim:

$$e_{aa} = \frac{n_a(n_a-1)}{n-1} \quad e_{bc} = n_a * \frac{n_b}{n-1}$$

Para depois aplicar essa fórmula

$$\alpha = \frac{\sum_c (o_{cc} - e_{cc})}{\sum_c (n_{cc} - e_{cc})}$$

Diagonal de acordo esperado

		Esperado						
		a	g	b	h	c	f	
a	$\frac{10(10-1)}{(18-1)}$	$\frac{(10^1)}{(18-1)}$	$\frac{(10^2)}{(18-1)}$	$\frac{(10^1)}{(18-1)}$	$\frac{(10^3)}{(18-1)}$	$\frac{(10^1)}{(18-1)}$		10
g	$\frac{(1^1 \cdot 10)}{(18-1)}$	$\frac{1(1-1)}{(18-1)}$	$\frac{(1^2)}{(18-1)}$	$\frac{(1^1)}{(18-1)}$	$\frac{(1^3)}{(18-1)}$	$\frac{(1^1)}{(18-1)}$		1
b	$\frac{(2^1 \cdot 10)}{(18-1)}$	$\frac{(2^1)}{(18-1)}$	$\frac{2(2-1)}{(18-1)}$	$\frac{(2^1)}{(18-1)}$	$\frac{(2^3)}{(18-1)}$	$\frac{(2^1)}{(18-1)}$		2
h	$\frac{(1^1 \cdot 10)}{(18-1)}$	$\frac{(1^1)}{(18-1)}$	$\frac{(1^2)}{(18-1)}$	$\frac{1(1-1)}{(18-1)}$	$\frac{(1^3)}{(18-1)}$	$\frac{(1^1)}{(18-1)}$		1
c	$\frac{(3^1 \cdot 10)}{(18-1)}$	$\frac{(3^1)}{(18-1)}$	$\frac{(3^2)}{(18-1)}$	$\frac{(3^1)}{(18-1)}$	$\frac{3(3-1)}{(18-1)}$	$\frac{(3^1)}{(18-1)}$		3
f	$\frac{(1^1 \cdot 10)}{(18-1)}$	$\frac{(1^1)}{(18-1)}$	$\frac{(1^2)}{(18-1)}$	$\frac{(1^1)}{(18-1)}$	$\frac{(1^3)}{(18-1)}$	$\frac{1(1-1)}{(18-1)}$		1
	10	1	2	1	3	1	18	

Diagonal de acordo observado

		Coincidência dos Observados						
		o_{cc}						0
			o_{cc}					
				o_{cc}				
					o_{cc}			
m						o_{cc}		
							o_{cc}	
	0							8

concreto a aplicação da fórmula, seria a divisão das somatórias das duas diagonais (amarela e salmão) que são as diagonais dos índices de concordância esperada e observada, assim:

$$\alpha = \frac{\sum_c (o_{cc} - e_{cc})}{\sum_c (n_{cc} - e_{cc})}$$

Krippendorff (p 229)

$(10 - \frac{10(10-1)}{(18-1)}) + (0 - \frac{1(1-1)}{(18-1)}) \dots$ etc como segue na tabela

$(10 - \frac{10(10-1)}{(18-1)}) + (1 - \frac{1(1-1)}{(18-1)}) \dots$ etc como segue na tabela

ANEXO 3

RELAÇÃO ALUNOS, LABORATÓRIOS E SUAS PESQUISAS.

Graduação

Nome	Graduação	Laboratório	Pesquisa
01.EN.GR.	Ciências Biológicas	LAMAR(Laboratório de algas marinhas)	Comparação molecular de uma espécie de Alga
02.EN.GR.	Biotecnologia	LABACS	Mapeamento das redes de Regulação genicas em biofilme e Leptospira
03.EN.GR.	Ciências Biológicas	LABACS	Regulação genica em leptospira
04.EN.GR.	Ciências Biológicas	LAMAR (Laboratório de Algas Marinhas.	Barcode Rhodophyta
05 EN.GR	Farmacia	Lab. Gen. Hu. E soc.	Etnofarmacologia, trabalha em sequenciamento genica em semente
06. EN.GR	Ciências Biológicas	LAGEV (Laboratório de Genética e Evolução Vegetal)	Propagação, conservação e estudos genéticos de espécies ornamentais.
07.EN. GR	Ciências Biologia	LAGEV (Laboratório de Genética e Evolução Vegetal)	Variabilidade genética de Orquídeas
08.EN.GR	Ciências Biológicas	LAGEV (Laboratório de Genética e Evolução Vegetal)	Variabilidade genética em cactáceas
09.EN.GR.	Ciências Biológicas	LABACS	Biofilme de leptospira, e composição proteica dele.
10.EN.GR	Farmacia	Lab. Gen. Hu. E soc	Estudo longitudinal sobre albinismo em Bahia e Salvador
11.EN.GR	Medicina veterinária	LABACS	Altruísmo Biológico em bactérias (Leptospiras).
12.EN.GR.	Ciências Biológicas	Biogeografia e evolução	Filogenia de aves
13.EN.GR	Ciências Biológicas	LAMAR (Laboratório de. Algas Marinhas)	Comparação molecular de uma espécie de Alga
14.EN.GR	Ciências Biológicas	LAMAR (Laboratório de. Algas Marinhas	Bioinformática análise de banco de dados evolução molecular.
15.EN.GR.	Ciências Biológicas	Lab. Ecologia nutricional de insetos	Prevalência da bactéria endossimbionte Wolbachia em populações de Tityus serrulatus.
16.EN.GR.	Lic. Ciências biológicas		Biofilme de Leptospira. Relacionado aos genes envolvidos na formação de biofilme.
17EN.GR.	Ciências biológicas 2	LABBIOTEC	Receptores nucleares
18.EN.GR.	Ciências biológicas 3	LAGEV (Laboratório de Genética e Evolução Vegetal)	Filo-geografia de piaçava, espécie endêmica da Mata Atlântica
19.EN.GR	Ciências biológicas	Lab. biogeografia e evolução	Filogeografia, genética de populações

PÓS-GRADUAÇÃO: (Mestrado e doutorado.)

Nome	Pós-graduação	Laboratório	Pesquisa
EN.PG(MT)	Mestrado. Genética e biodiversidade	Lab. Hu. Mut	Deleções atípicas na síndrome de William-Beuren
EN.PG(MT)	Mestrado ecologia Bio-monitoramento	Gen. Pop. Ev. Mol.	Filo geografia do lagarto <i>Tropidurus Hygomi</i> .
EN.PG (MT)	Mestrado. Genética e biodiversidade	Gen. Pop. Ev. Mol	Filo geografia numa espécie de anuro.
EN.PG(MT)	Mestrado. Genética e biodiversidade	Lab. Hu. Mut	Estudo genético em pacientes com Síndrome de Turner
EN.PG(MT)	Mestrado em genética e biodiversidade	LAGEV	Multiplicação in vitro e estabilidade genética de duas espécies de micranthocereus.
06.EN.PG.(MT)	Mestrado em genética e biodiversidade	Lab. Hu. Mut	Fibrose cística, e 10 mutações do gene que causa a doença.
07.EN.PG(MT)	Mestrado ecologia Bio-monitoramento	Gen. Pop. Ev. Mol	Modelos biológicos aranhas sociais e genéticas de paisagens dessas aranhas
08.EN.PG(MT)	Mestrado em genética e biodiversidade	Lab. Hu. Mut	Diversidade genética de populações de maracujá.
09.EN.PG.(MT)	Mestrado em genética e biodiversidade	Lab. Hu. Mut	Estuda o gene FMR1 em pacientes com deficiência intelectual.
10.EN.PG.(MT)	Mestrado em genética e biodiversidade	Lab. Prog. Gen soc.	Associação entre idade parental e progênie com malformações congênitas.
11.EN.PG(MT)	Mestrado em genética e biodiversidade	Lab. Prog. Gen soc.	Altruísmo e alterações genéticas
12.EN.PG(MT)	Mestrado em genética e biodiversidade	Lab. Hu. Mut	Síndrome de Prader-Willi e Angelman associada a deficiência intelectual
14,EN,PG(MT)	Mestrado ecologia Bio-monitoramento	Gen. Pop. Ev. Mol.	Estrutura de comunidades e relação biogeográfico dos mamíferos na América do sul.
15EN.PG(DT)	Doutorado Zootecnia	BIOTECNOLOGIA	Identificação de polimorfismos nos genes da calpaína (CAST) e calpastatina (CAPN)
16.EN.PG.(DT)	Doutorado. Botânica	LAMAR	Barcode em Rhodophyta
17.EN.PG.(DT)	Doutorado. Botânica	LAMAR	Taxonomia de um grupo algas calcárias diversidade e estabilidade genética
18.EN.PG(DT)	Doutorado Recursos Genéticos	LAGEV	Cultivo in vitro de vegetais, conservação de plantas. Análise de fidelidade e estabilidade molecular
17.EN.PG(DT)	Doutorado. Botânica	LAGEV, LAMAR	Identificação morfologia e biologia molecular, cianobactéria marinha bentônica.
19.EN.PG(DT)	Doutorado. Botânica	FLORA	Taxonomia e filogenia numa espécie de plantas, sequenciamento molecular para identificar espécies.
20.EN.PG.(DT)	Doutorado Bioquímica e Biologia Molecular	LABBIOTEC	Avaliação de xenobióticos e fatores de transcrição.

PROFESSORES e PÓS-DOCTORADOS¹⁰

Nome	Laboratório	Ministra aula de
01.EN.PF		Evolução e marcadores moleculares
03.EN.PF	Gen. Pop. Ev. Mol.	Genética II, Genética de Populações, marcadores Moleculares.
04.EN.PF	LABACS	Genética
05.EN.PF	Gen. Pop. Ev. Mol.	Bioinformática
06.EN.PF	LAGEV (Laboratório de Genética e Evolução Vegetal)	Evolução e marcadores moleculares
06.EN.PF	Lab. Hu. Mut	Genética
07.EN.PF	Gen. Pop. Ev. Mol.	Genética
08.EN.PF	Lab. biogeografia e evolução	Genética de populações
09.EN.PF	LABACS	Genética
10.EN.PF	LABBIOTEC	Genética
11.EN.PF	Laboratório de cultura de tecidos vegetais	Genética
12.EN.PF(PsD)	LABACS	Pesquisadora Pós-doutorado
13.EN.PF(PsD)	LAGEV	Pesquisadora Pós-doutorado
14.EN.PF(PsD)	FLORA	Pesquisadora Pós-doutorado

Graduação	N	%	Pós-graduação	N	%	Professores	N	%
Ciências biológicas	14	76 %	MT em Genética e Biodiversidade	10	50 %	Gent. Evolutiva e sistemática Molecular	8	57,1
Farmácia	2	10,5 %	MT em Ecologia e Monitoramento	3	15 %	Genética Humana	1	7,14
Medicina veterinária	1	5,2 %	DT em Botânica	4	20 %	Genética de Populações e Conservação	1	7,14
Biotecnologia	1	5,2 %	DT em zootecnia	1	5 %	Biologia molecular e Bioquímica	1	7,14
Lic. Em ciências biológicas	1	5,2 %	DT em Recursos Genéticos	1	5 %	Pós-doutorados	3	21,4
			DT em Bioquímica e Biologia Molecular	1	5 %			
Total N	19			20			14	

¹⁰ <http://www.ppggenbio.bio.ufba.br/docentes>

ANEXO 4

TERMO DE CONSENTIMENTO LIVRE E ESCLARECIDO

UNIVERSIDADE FEDERAL DA BAHIA INSTITUTO DE BIOLOGIA

Rua Barão do Geremoabo, s/n, Campus de Ondina

Ondina, Salvador-Ba 40270-190

Tel: 55(71)3263-6568 Fax: 55(71)3263-6511

PROJETO: O que é um gene? Um estudo filosófico e empírico de um conceito central no pensamento biológico e no ensino de biologia

Eu, Leonardo Celín, estudante de mestrado no programa de História, Filosofia e ensino das ciências, estou interessado em compreender as visões dos graduandos e pós-graduandos em Genética e Biologia Molecular da Universidade Federal da Bahia e da Universidade de São Paulo acerca de algumas questões sobre a ciência em geral e, em particular, sobre conceitos centrais em suas áreas, como o de gene. A sua colaboração é fundamental para que eu possa alcançar o resultado pretendido neste projeto, a saber, compreender melhor como os estudantes de pós-graduação em Genética e Biologia Molecular têm pensado sobre conceitos importantes neste campo do conhecimento e, além disso, contribuir para o aprimoramento do ensino da Genética e Biologia Molecular com os resultados de nosso trabalho. Os resultados serão enviados para você tão logo seja iniciada a divulgação para o público. Caso você aceite participar dessa pesquisa, terá apenas que responder a questionários em meio eletrônico e entrevistas semi-estruturadas, o que nos deixará muito agradecidos. As questões tratam, por exemplo, do que é um gene, qual sua função, o que é informação genética, como genótipo e fenótipo se relacionam etc. Eventualmente, poderemos contactá-lo(a) para obtermos informações adicionais.

Nós nos comprometemos com a garantia da confidencialidade das respostas e com o sigilo dos dados, que serão armazenados e analisados em bases nas quais os nomes e respectivas instituições de afiliação dos respondentes não serão incluídos. Os resultados serão apresentados de maneira estatística e geral, sem qualquer pista da identidade dos respondentes do questionário. Esta investigação não oferece qualquer risco para os estudantes que participarem, uma vez que não se fará qualquer vinculação entre as respostas dadas e a identidade pessoal dos respondentes. Somente os pesquisadores da equipe de pesquisa terão acesso às respostas dadas pelos sujeitos da pesquisa. Não há qualquer obrigatoriedade de sua participação e, se quando estiver respondendo, você resolver desistir, que não haverá qualquer consequência para você. Além disso, a sua

participação na pesquisa não envolverá qualquer despesa de sua parte. Os dados coletados serão usados somente para a pesquisa mencionada acima.

Se você concorda em participar, por favor, assine o formulário, mais abaixo.

Agradecendo a atenção de vocês, estou à disposição para maiores esclarecimentos ou para qualquer outro tipo de acompanhamento, assistência ou esclarecimento sobre a metodologia que julgue necessário. Vocês podem contatar-me no seguinte endereço eletrônico (leocell@gmail.com) ou no endereço que se encontra ao final deste Termo de Consentimento. Se você tiver alguma pergunta ou preocupação acerca dos seus direitos como participante da pesquisa, poderá telefonar para o pesquisador responsável (55-71-9234-7280).

Atenciosamente,

Leonardo Celín Patino

(Programa de pós-graduação em História, Filosofia e Ensino das Ciências, Universidade Federal da Bahia, Brasil)

Por favor, forneça-nos seu endereço eletrônico para contatos posteriores e para indicar seu consentimento com a participação na pesquisa, e preencha seu nome e assine mais abaixo.

Nome:

Endereço eletrônico:

Assinatura:

Nome completo:

Responsável pela pesquisa:

Leonardo Celín Patino.

Programa de Pós-graduação em História, Filosofia e Ensino das Ciências.
Universidade Federal da Bahia.

Rua Barão do Geremoabo, s/n, Campus Universitário de Ondina, Ondina.

Salvador-BA, Brasil.

CEP: 40170-290.

Telefone: (55)71)3263-6568.

FAX: (55)71)3263-6511.

