



UNIVERSIDADE FEDERAL DA BAHIA  
UNIVERSIDADE ESTADUAL DE FEIRA DE SANTANA



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

Neima Alice Menezes Evangelista

**O CONCEITO DE GENE EM LIVROS DIDÁTICOS DE BIOLOGIA  
CELULAR E MOLECULAR DO ENSINO SUPERIOR**

SALVADOR

2016

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

**NEIMA ALICE MENEZES EVANGELISTA**

**O CONCEITO DE GENE EM LIVROS DIDÁTICOS SUPERIOR DE  
BIOLOGIA CELULAR E MOLECULAR DO ENSINO SUPERIOR**

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

Orientador: Prof. Dr. Charbel Niño El-Hani

SALVADOR

2016

EVANGELISTA, NEIMA ALICE MENEZES  
O CONCEITO DE GENE EM LIVROS DIDÁTICOS DE BIOLOGIA  
CELULAR E MOLECULAR DO ENSINO SUPERIOR / NEIMA ALICE  
MENEZES EVANGELISTA. -- SALVADOR, 2016.  
223 f.

Orientador: CHARBEL NIÑO EL-HANI.  
Dissertação (Mestrado - PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM  
ENSINO, FILOSOFIA E HISTÓRIA DAS CIÊNCIAS) --  
Universidade Federal da Bahia, INSTITUTO DE FÍSICA,  
2016.

1. CONCEITO DE GENE. 2. LIVROS DIDÁTICOS. 3. ENSINO  
DE BIOLOGIA CELULAR E MOLECULAR. I. EL-HANI, CHARBEL  
NIÑO. II. Título.

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

**NEIMA ALICE MENEZES EVANGELISTA**

**O CONCEITO DE GENE EM LIVROS DIDÁTICOS SUPERIOR DE  
BIOLOGIA CELULAR E MOLECULAR DO ENSINO SUPERIOR**

---

Prof. Dr. Luiz Márcio Santos Farias  
Coordenador do curso

SALVADOR  
2016

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

---

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

---

Prof. Dr. Diogo Meyer (membro externo)  
Universidade de São Paulo – USP

APROVADA EM 28 DE ABRIL DE 2016

SALVADOR

2016

*À maior bióloga que pôde  
cruzar o meu caminho: Gabi, que  
ofereceu o chão da sua caixa  
organizada como porto seguro para  
meus voos.*



## AGRADECIMENTOS

Agradeço aos meus pais, por todo o apoio e suporte. Do primeiro passo à conclusão vocês estão por perto, são meu porto seguro, minha inspiração e meu impulso. Obrigada a vocês e à Gabi por todo o esforço que fizeram para que eu chegasse até aqui, por todas as recepções no meu retorno para casa e por todas as despedidas.

Ao sempre presente Ricardo, meu noivo, companheiro e braço direito, que desde o início me deu apoio para encarar essa jornada. Obrigada pelos dias de sol e pelas noites mal dormidas transcrevendo livros, buscando por ementas, por entender que alguns finais de semana foram de muito trabalho e por trabalhar comigo. Esse trabalho também é uma conquista sua.

À minha família mineira e cearense, principalmente minha avó, meus tios Deto, Cacá e Sheila e aos primos Dedé, Dadá e Tiago por todo amor incondicional, apoio e risadas dessa família muito unida, que tanto me orgulha e que me ensinaram a paixão pelo Nordeste.

À Tainah, que esteve por perto para ouvir meus desabaços e à Veka, pelo carinho e recepção. Obrigada por serem minha família baiana, vocês me receberam de braços abertos e fizeram parte de cada momento dessa conquista. Sentirei falta de todos os dias que estivemos no 302 (até daqueles sem elevador).

À Thaynná, Ana Letícia e Ana Paula, que estiveram por perto virtualmente, me ouvindo, aconselhando e incentivando. Obrigada por me ensinarem a estudar desde pequena e a manter as amizades verdadeiras, que atravessam tempo e distância: são quase vinte anos, cada uma em uma cidade diferente e não poderíamos estar mais próximas! Tatá, meu imenso obrigada por ler com carinho, corrigindo algumas falhas, e pela ajuda com a ABNT!

Ao Lukas, pela ajuda com as planilhas do Excel. Obrigada por ser tão prestativo e pela disponibilidade em todos os momentos.

Ao professor Charbel, meu espelho durante esses anos. Obrigada pela parceria, por me proporcionar um crescimento profissional tão intenso em tão



pouco tempo, pela confiança depositada em mim e pela paciência em me apresentar uma linguagem tão diferente.

Aos professores Rosiléia, Lília e Diogo, que, desde a qualificação, com seus comentários e observações, me proporcionaram um trabalho mais rico e maduro.

Aos amigos do LEFHBio que me receberam nessa jornada. Em especial à Luana, por ter me tirado de casa várias vezes quando precisei, e à Vanessa, meu maior apoio no começo que, além de ter me ensinar tudo o que sabia sobre os genes, validou meus dados.

Aos colegas do LIDIPO da UFJF por me cederem espaço na bancada, conversas pela tarde e muito amor e pão de queijo.

## RESUMO

Apesar do papel central do conceito de gene no século XX, dúvidas e controvérsias a seu respeito têm sido frequentes nas últimas décadas, inicialmente na literatura sobre filosofia da biologia e, a partir dos anos 2000, em artigos empíricos e teóricos nas áreas de genética, biologia molecular e afins. Em particular, o que está em questão é a atual dificuldade de manter um conceito que foi e ainda é largamente usado, o chamado conceito molecular clássico, de acordo com o qual o gene é uma sequência de nucleotídeos de DNA que codifica um produto funcional, seja ele uma cadeia de polipeptídios ou uma molécula de RNA. Em vista das dúvidas e controvérsias atuais sobre o conceito de gene na comunidade científica, nosso objetivo foi investigar como os genes são abordados em edições recentes de livros didáticos de biologia celular e molecular amplamente utilizados em universidades ao redor do mundo. A seleção dos livros foi feita a partir de busca por ementas de disciplinas de biologia celular e molecular em três idiomas (inglês, português e espanhol), usando a ferramenta de buscas Google®. Cinco livros foram selecionados e submetidos a análise categórica, com a decomposição do texto em unidades de registro, que foram então recompostas em categorias analíticas segundo critérios semânticos, relativos ao significado atribuído ao conceito de gene e a ideias relativas à função gênica. Os principais achados do presente trabalho mostram: (1) um predomínio do conceito molecular clássico nos livros didáticos analisados; (2) a ausência de uma abordagem histórica e filosoficamente informada sobre os genes, que leve em conta que se está tratando de modelos e conceitos, e não da realidade em si mesma, com a consequência de que propriedades atribuídas aos genes em diferentes conceitos são indiscriminadamente misturadas; (3) a promoção de ideias deterministas genéticas pelo modo como genes e seus papéis nos sistemas vivos são abordados nos livros, em virtude da mistura de propriedades mencionada acima; (4) uma ausência na maioria dos livros de uma discussão das consequências dos desafios ao conceito molecular clássico para nosso entendimento atual sobre genes, apesar desses desafios serem conhecidos há mais de três décadas e serem discutidos nos próprios livros; e (5) um silenciamento de visões

não deterministas sobre os papéis dos genes nos sistemas biológicos. O modo como genes são abordados nos livros analisados tem implicações relevantes para a formação dos estudantes, minando sua capacidade de se posicionar e atuar de maneira mais informada e crítica como cidadãos de sociedades cada vez mais marcadas pelo uso de tecnologias genéticas e de um discurso social sobre genes, ambos com um espectro de consequências éticas e políticas.

Palavras-chave: Conceito de gene; Livros didáticos; Ensino de biologia celular e molecular.

## ABSTRACT

Despite the central role of the gene concept in the 20<sup>th</sup> century, doubts and controversies about it have been frequent in the last decades, initially in the literature on philosophy of biology and, from 2000 onwards, in empirical and theoretical papers in the fields of genetics, molecular biology and alike. In particular, what is at stake is the current difficulty of maintaining a concept that has been and still is widely used, the so-called classical molecular concept, according to which the gene is a sequence of nucleotides in DNA codifying a functional product, either a polypeptide chain or RNA molecule. Given current doubts and controversies about the gene concept in the scientific community, our objective was to investigate how genes are addressed in recent editions of cell and molecular biology textbooks widely used in universities around the globe. The selection of textbooks was made through a search of cell and molecular biology syllabi in three languages (English, Portuguese, and Spanish), using Google® search tool. Five books were selected and subjected to categorial analysis, being the text decomposed in recording units, which were then recomposed into analytical categories according to semantic criteria, related to the meaning ascribed to the gene concept and ideas related to gene function. The main findings of this study show: (1) a predominance of the classical molecular concept in the analyzed textbooks; (2) the absence of a historically and philosophically approach to gene that takes into account that one is dealing with models and concepts, not with reality in itself, with the consequence that properties ascribed to genes in different concept are indiscriminately mixed; (3) the promotion of genetic determinist ideas by the manner in which genes and their roles in living systems are dealt with in the books, due to the property admixture mentioned above; (4) the absence in most books of a discussion of the consequences of challenges to the classical molecular concept to our current understanding about genes, despite the fact that these challenges have been known for more than three decades and are discussed in the textbooks themselves; and (5) the silencing of non determinist views about the roles of genes in biological systems. The way genes are treated in the analyzed textbooks has relevant implications to the students' education, undermining their capacity to take a stance and act in an informed and critical manner as citizens of societies

increasingly marked by the use of genetic technologies and a social discourse about genes, both with a host of ethical and political consequences.

Keywords: Gene concept; Textbooks; Cell and molecular biology teaching.

## LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1	Representação do <i>splicing</i> alternativo.....	35
Figura 2	Representação da recombinação VDJ.....	36
Figura 3	Representação da edição de mRNA na alipoproteína B.....	37
Figura 4	Livros didáticos indicados nas ementas de disciplinas de biologia celular e molecular.....	54
Figura 5	Distribuição das unidades de registro por unidade de contexto no livro <i>Becker's World of the Cell</i> (HARDIN <i>et al.</i> , 2012) .....	62
Figura 6	Frequência dos conceitos de gene no livro <i>Becker's World of the Cell</i> (HARDIN <i>et al.</i> , 2012) .....	63
Figura 7	Frequência das categorias de conceitos de gene por unidade de contexto no livro <i>Becker's World of the Cell</i> (HARDIN <i>et al.</i> , 2012) .....	65
Figura 8	Frequência de sobreposições de conceitos de gene no livro <i>Becker's World of the Cell</i> (HARDIN <i>et al.</i> , 2012) .....	72
Figura 9	Frequência das funções atribuídas ao gene no livro <i>Becker's World of the Cell</i> (HARDIN <i>et al.</i> , 2012) .....	75
Figura 10	Frequência das categorias das funções atribuídas ao gene por unidade de contexto no livro <i>Becker's World of the Cell</i> (HARDIN <i>et al.</i> , 2012) .....	77
Figura 11	Frequência de sobreposições das funções atribuídas ao gene no livro <i>Becker's World of the Cell</i> (HARDIN <i>et al.</i> , 2012) .....	81
Figura 12	Distribuição das unidades de registro por unidade de contexto no livro <i>Molecular Biology Of The Cell</i> (ALBERTS <i>et al.</i> , 2008).....	84
Figura 13	Frequência dos conceitos de gene no livro <i>Molecular Biology Of The Cell</i> (ALBERTS <i>et al.</i> , 2008) .....	85
Figura 14	Frequência das categorias de conceitos de gene por unidade de contexto no livro <i>Molecular Biology Of The Cell</i> (ALBERTS <i>et al.</i> , 2008) .....	87
Figura 15	Frequência de sobreposições de conceitos de gene no livro <i>Molecular Biology Of The Cell</i> (ALBERTS <i>et al.</i> , 2008).....	98
Figura 16	Frequência das funções atribuídas ao gene no livro <i>Molecular Biology Of The Cell</i> (ALBERTS <i>et al.</i> , 2008) .....	101

Figura 17	Frequência das categorias de função atribuídas ao gene por unidades de contexto no livro <i>Molecular Biology Of The Cell</i> (ALBERTS <i>et al.</i> , 2008) .....	103
Figura 18	Frequência de sobreposições das funções atribuídas ao gene no livro <i>Molecular Biology Of The Cell</i> (ALBERTS <i>et al.</i> , 2008).....	108
Figura 19	Distribuição das unidades de registro por unidade de contexto no livro <i>Molecular Cell Biology</i> (LODISH <i>et al.</i> , 2013) .....	111
Figura 20	Frequência dos conceitos de gene no livro <i>Molecular Cell Biology</i> (LODISH <i>et al.</i> , 2013) .....	112
Figura 21	Frequência das categorias de conceitos de gene por unidade de contexto no livro <i>Molecular Cell Biology</i> (LODISH <i>et al.</i> , 2013) .....	114
Figura 22	Frequência de sobreposições de conceitos de gene no livro <i>Molecular Cell Biology</i> (LODISH <i>et al.</i> , 2013) .....	121
Figura 23	Frequência das funções atribuídas ao gene no livro <i>Molecular Cell Biology</i> (LODISH <i>et al.</i> , 2013) .....	123
Figura 24	Frequência das categorias de função atribuídas ao gene por unidades de contexto no livro <i>Molecular Cell Biology</i> . (LODISH <i>et al.</i> , 2013) .....	125
Figura 25	Frequência de sobreposições das funções atribuídas ao gene no livro <i>Molecular Cell Biology</i> (LODISH <i>et al.</i> , 2013) .....	129
Figura 26	Distribuição das unidades de registro por unidade de contexto no livro <i>Cell and Molecular Biology</i> (KARP, 2013) .....	133
Figura 27	Frequência dos conceitos de gene no livro <i>Cell and Molecular Biology</i> (KARP, 2013) .....	134
Figura 28	Frequência das categorias de conceitos de gene por unidade de contexto no livro <i>Cell and Molecular Biology</i> (KARP, 2013).....	136
Figura 29	Frequência de sobreposições de conceitos de gene no livro <i>Cell and Molecular Biology</i> (KARP, 2013) .....	144
Figura 30	Frequência das funções atribuídas ao gene no livro <i>Cell and Molecular Biology</i> (KARP, 2013) .....	147
Figura 31	Frequência das categorias de funções atribuídas ao gene por unidades de contexto no livro <i>Cell and Molecular Biology</i> (KARP, 2013) .....	149
Figura 32	Frequência de sobreposições das funções atribuídas ao gene no livro <i>Cell and Molecular Biology</i> (KARP, 2013) .....	152

Figura 33	Distribuição das unidades de registro por unidade de contexto no livro <i>The Cell: A Molecular Approach</i> (COOPER; HAUSMANN, 2013) .....	156
Figura 34	Frequência dos conceitos de gene no livro <i>The Cell: A molecular Approach</i> (COOPER; HAUSMANN, 2013) .....	157
Figura 35	Frequência das categorias de conceitos de gene por unidades de contexto no livro <i>The Cell: A Molecular Approach</i> (COOPER; HAUSMANN, 2013) .....	159
Figura 36	Frequência de sobreposições de conceitos de gene no livro <i>The Cell: A Molecular Approach</i> (COOPER; HAUSMANN, 2013) .....	164
Figura 37	Frequência das funções atribuídas ao gene no livro <i>The Cell: A Molecular Approach</i> (COOPER; HAUSMANN, 2013) .....	167
Figura 38	Frequência das categorias de função atribuídas ao gene por unidades de contexto no livro <i>The Cell: A Molecular Approach</i> (COOPER; HAUSMANN, 2013) .....	169
Figura 39	Frequência de sobreposições das funções atribuídas ao gene no livro <i>The Cell: A Molecular Approach</i> (COOPER; HAUSMANN, 2013) .....	172
Figura 40	Frequência de ocorrências das unidades de registro categorizadas pelo conceito de gene nos livros didáticos analisados .....	178
Figura 41	Frequência de ocorrências das unidades de registro categorizadas pela função atribuída ao gene nos livros didáticos analisados .....	181



## LISTA DE TABELAS

Tabela 1	Fenômenos que apontam anomalias no conceito molecular clássico de gene. Adaptado de Gerstein <i>et al.</i> (2007) .....	29
Tabela 2	Categorias de conceitos de gene utilizadas com breve definição .....	57
Tabela 3	Taxa de concordância entre as categorizações independentes das unidades de registro de cada livro didático .....	59
Tabela 4	Ocorrência das unidades de registro do conceito de gene por unidade de contexto no livro <i>Becker's World of the Cell</i> . (HARDIN <i>et al.</i> , 2012) .....	64
Tabela 5	Ocorrência das unidades de registro da função atribuída ao gene por unidade de contexto no livro <i>Becker's World of the Cell</i> (HARDIN <i>et al.</i> , 2012) .....	76
Tabela 6	Ocorrência das unidades de registro do conceito de gene por unidade de contexto no livro <i>Molecular Biology Of The Cell</i> (ALBERTS <i>et al.</i> , 2008) .....	86
Tabela 7	Ocorrência das unidades de registro da função atribuída ao gene por unidade de contexto no livro <i>Molecular Biology Of The Cell</i> (ALBERTS <i>et al.</i> , 2008) .....	102
Tabela 8	Ocorrência das unidades de registro do conceito de gene por unidade de contexto no livro <i>Molecular Cell Biology</i> (LODISH <i>et al.</i> , 2013) .....	113
Tabela 9	Ocorrência das unidades de registro da função atribuída ao gene por unidade de contexto no livro <i>Molecular Cell Biology</i> (LODISH <i>et al.</i> , 2013) .....	124
Tabela 10	Ocorrência das unidades de registro do conceito de gene por unidade de contexto no livro <i>Cell and Molecular Biology</i> (KARP, 2013) .....	135
Tabela 11	Ocorrência das unidades de registro da função atribuída ao gene por unidade de contexto no livro <i>Cell and Molecular Biology</i> (KARP, 2013) .....	148
Tabela 12	Ocorrência das unidades de registro do conceito de gene por unidade de contexto no livro <i>The Cell: A Molecular Approach</i> (COOPER; HAUSMANN, 2013) .....	158
Tabela 13	Ocorrência das unidades de registro da função atribuída ao gene por unidade de contexto no livro <i>The Cell: A Molecular Approach</i> (COOPER; HAUSMANN, 2013) .....	168

## LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

ApoB	Apolipoproteína B
CFTR	Cystic Fibrosis Transmembrane Conductance Regulator; em português: Regulador de Condutância Transmembrana da Fibrose Cística
DNA	Deoxyribonucleic Acid; em português: Ácido Desoxirribonucleico
ENCODE	ENCyclopedia Of DNA Elements; em português: ENCiclopédia Dos Elementos do DNA
FC	Fibrose Cística
FTD	Frontotemporal dementia; em português: demência frontotemporal
miRNA	MicroRNA
mRNA	Messenger RNA; em português: RNA mensageiro
ncRNA	Non-coding RNA; em português: RNA não codificante
NHGRI	National Human Genome Research Institute; em português: Instituto Nacional de Pesquisa do Genoma Humano
NFTs	Neurofibrillary tangles; em português: emaranhados neurofibrilares
PGH	Projeto Genoma Humano
PGMA3	Phosphoglicerato Mutase3; em português: fosfoglicerato mutase 3
PTEN	Phosphatase and tensin homolog; em português: fosfatase e homólogo da tensina
RNA	Ribonucleic acid; em português: ácido ribonucleico
rRNA	Ribosomal RNA; em português: RNA ribossômico
snRNA	Small nuclear RNA; em português, pequeno RNA nuclear.
tRNA	Transfer RNA; em português: RNA transportador
UTRs	Untranslated region; em português: regiões regulatórias não transcritas

## SUMÁRIO

<b>APRESENTAÇÃO .....</b>	<b>17</b>
<b>CAPÍTULO 1: A SAGA DO “GENE” .....</b>	<b>20</b>
<b>O gene ao longo do século XX .....</b>	<b>20</b>
<b>Por que o conceito molecular clássico de gene está em crise? .....</b>	<b>25</b>
<b>Reações à crise do conceito molecular clássico de gene .....</b>	<b>40</b>
<b>CAPÍTULO 2: MATERIAIS E MÉTODOS .....</b>	<b>52</b>
<b>CAPÍTULO 3: RESULTADOS .....</b>	<b>61</b>
<b>Becker's World of the Cell .....</b>	<b>61</b>
<b>Molecular Biology of the Cell .....</b>	<b>83</b>
<b>Molecular Cell Biology .....</b>	<b>110</b>
<b>Cell and Molecular Biology .....</b>	<b>132</b>
<b>The Cell: A Molecular Approach .....</b>	<b>155</b>
<b>CAPÍTULO 4: DISCUSSÃO .....</b>	<b>175</b>
<b>Conceitos de gene e ideias sobre função gênica .....</b>	<b>176</b>
<b>Definições explícitas de gene .....</b>	<b>189</b>
<b>A ausência de uma abordagem histórica e filosófica dos conceitos de gene e suas consequências .....</b>	<b>192</b>
<b>Aspectos silenciados no discurso dos livros sobre genes .....</b>	<b>202</b>
<b>MATERIAIS DIDÁTICOS ANALISADOS .....</b>	<b>207</b>
<b>ANEXO I .....</b>	<b>208</b>
<b>REFERÊNCIAS .....</b>	<b>212</b>

## APRESENTAÇÃO

Os avanços da biologia molecular e de áreas afins na segunda metade do século XX trouxeram novos conhecimentos e, com isso, novas indagações sobre o conceito de gene. O século XX foi batizado por Keller (2000) como o “século do gene”, tamanha a importância deste conceito no desenvolvimento da genética, e da ciência em geral, que resultou em conquistas como a proposição do modelo de dupla hélice para a estrutura do DNA, com todas as suas implicações genéticas, por Watson e Crick (1953a,b); a realização do Projeto Genoma Humano (PGH), que levou à obtenção de um conjunto inestimável de dados para a compreensão de nossa espécie (COLLINS; GALAS, 1993); e o Projeto ENCODE, um importante marco na caracterização do genoma humano, na medida em que almeja identificar todos os seus elementos funcionais (GERSTEIN et al., 2007).

O conceito de gene sofreu muitas alterações durante o curso do século XX e, na primeira década do século XXI, tornou-se objeto de dúvidas e controvérsias crescentes na comunidade científica. Como foi colocado em editorial da *Nature* há uma década, não estamos mais tão certos quanto um dia estivemos sobre o que seria, afinal, um gene (PEARSON, 2006). Em vista das dúvidas e controvérsias atuais sobre o conceito de gene, o presente trabalho tem como objetivo principal investigar quais conceitos de gene e se as dúvidas e controvérsias a respeito desse conceito aparecem em edições recentes de livros didáticos de biologia celular e molecular amplamente utilizados em universidades ao redor do mundo.

Para dar conta desse objetivo, iniciaremos a dissertação, no primeiro capítulo, com uma discussão sobre as origens do conceito de gene, na primeira década do século XX, e sobre as modificações que sofreu ao longo deste século. Explicaremos a emergência da compreensão do gene que veio a dominar a pesquisa genética na segunda metade do século, o conceito molecular clássico, de acordo com o qual o gene é uma sequência de nucleotídeos de DNA que codifica um produto funcional, seja ele uma cadeia de polipeptídeos ou uma molécula de RNA. Nesse mesmo capítulo, discutiremos quais são os problemas com o conceito molecular clássico, ou seja, quais descobertas da pesquisa

genética resultaram em anomalias que levaram esse conceito a entrar em crise. Por fim, discutiremos algumas reações à crise no conceito molecular clássico.

No segundo capítulo, apresentaremos os procedimentos metodológicos utilizados no estudo, que consiste em uma investigação com caráter qualitativo, tomando como base achados quantitativos na análise das categorias obtidas. O estudo foi dividido nas seguintes etapas: (i) seleção dos livros por meio de levantamento de ementas de disciplinas; (ii) leitura flutuante dos livros; (iii) análise categórica do conteúdo dos textos, com decomposição destes em unidades de registro relativas ao conceito de gene ou a ideias sobre função gênica; (iv) transcrição das unidades de registro identificadas nos livros para planilhas de análise; (v) análise categórica independente das unidades de registro feita pela presente autora e por outra pesquisadora; (vi) cálculo da taxa de confiabilidade entre avaliadoras independentes e discussão das unidades nas quais houve divergências de análise; (vii) quantificação e análise de dados relativos às categorias obtidas a partir das unidades de registro, integrando-as com as unidades de contexto; (viii) análise qualitativa com base nos achados da análise categórica.

O capítulo três apresenta os resultados obtidos nas análises de cada um dos cinco livros didáticos, mostrando a prevalência em todos os livros didáticos do conceito molecular clássico e da atribuição ao gene da função de “codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs”, característica daquele conceito. Discutimos, ainda, as sobreposições entre conceitos de gene e funções atribuídas ao gene nas várias unidades de registro. Abordamos, também, o modo como os livros tratam de anomalias que lançam dúvida sobre o conceito molecular clássico, analisando se consideram ou não suas implicações para o entendimento do que é um gene.

No capítulo quatro, fazemos uma discussão dos principais achados da análise do conjunto dos cinco livros didáticos, abordando (1) frequência de ocorrência dos diferentes conceitos de gene e ideias sobre função gênica; (2) a ausência de uma abordagem histórica e filosoficamente informada sobre genes e a conseqüente mistura de propriedades atribuídas aos genes em diferentes conceitos ao longo das explicações fornecidas pelas obras analisadas; (3) a

promoção de ideias deterministas genéticas pelo modo como genes e seus papéis nos sistemas vivos são abordados; (4) a quase completa ausência de uma discussão nos livros acerca das consequências de desafios ao conceito molecular clássico para nosso entendimento atual sobre genes; e (5) o silenciamento de visões não deterministas sobre os papéis dos genes nos sistemas biológicos e suas consequências para a educação dos estudantes como cidadãos.

## CAPÍTULO 1: A SAGA DO “GENE”

### O gene ao longo do século XX

A busca por uma compreensão dos genes e de seu papel em fenômenos como a herança, o funcionamento celular ou o desenvolvimento foi um dos marcos do século XX, a ponto de ele ter sido denominado o século do gene (GELBART, 1998; KELLER, 2000).

Essa história se iniciou em 1909, quando o geneticista dinamarquês Wilhelm Johannsen introduziu o termo “gene” para designar a unidade que constituiria o genótipo. Em 1908, ele havia proposto a distinção entre genótipo e fenótipo, o que o levou a sugerir que ambos seriam constituídos por unidades, respectivamente, “gene” e “fene”, termos introduzidos no ano seguinte. Enquanto o primeiro conceito se tornou largamente aceito, marcando a história do século XX, o segundo conceito não ganhou uso corrente.

Para Johannsen, o termo “gene” deveria ser mantido “livre de hipóteses”, ou seja, sem a proposição de algum correspondente material, já que não havia, então, como estabelecer tal correspondente de modo confiável (JOHANNSEN, 1909, citado por FALK, 1986). Ou seja, o conceito de gene era entendido de maneira instrumentalista, como uma unidade de cálculo que tornava possível expressar regularidades na transmissão de caracteres fenotípicos ao longo de cruzamentos (FALK, 1986).

Na genética mendeliana, consolidou-se a ideia do gene como uma unidade de herança, responsável pela transmissão e determinação dos caracteres, o que levou a um primeiro conceito de gene, o mendeliano. O conceito mendeliano de gene está vinculado a um modelo de função gênica que Gericke e Hagberg (2007) designaram “mendeliano”, no qual a existência de um gene é vista como uma condição necessária e suficiente para que determinada característica apareça no organismo, sem considerações sobre a influência do ambiente e sobre a interação entre genes. É importante considerar, no entanto, que, nesse modo de compreensão, o gene não é entendido como uma entidade real ou material, mas como um construto hipotético e abstrato, unidade de

transmissão e função, um fenótipo em miniatura, sem conexões fisiológicas ou químicas, sendo inferido a partir do fenótipo como se fosse seu determinante (GERICKE; HAGBERG, 2007). Portanto, há a ideia de determinação em tal conceito de gene, mas ela não é atribuída a uma entidade material no núcleo celular, sendo parte de uma ferramenta para fazer cálculos e expressar regularidades em cruzamentos.

O conceito instrumentalista do gene como determinante de fenótipos tem sido sistematicamente usado desde o começo da genética, vinculado a uma visão instrumentalista do gene que era característica do modelo mendeliano de função gênica. Contudo, poucos anos após o surgimento do conceito mendeliano de gene, cada vez mais cientistas passaram a tratar o gene de maneira realista, como uma entidade material, pavimentando o caminho para a emergência de uma compreensão molecular do gene. Para muitos cientistas, o gene se tornou, na biologia, uma unidade, de maneira análoga aos átomos na química. Aceitava-se, também, que os genes tornariam possível, como argumentava Hugo de Vries<sup>1</sup>, explicar os fenômenos do mundo vivo através de suas combinações. Assim como a física e a química eram baseadas em moléculas e átomos, as ciências biológicas precisariam de unidades, como os genes, para explicar, por meio de suas combinações, os fenômenos do mundo vivo (KELLER, 2000).

A transição para uma visão realista do gene teve início com o que Gericke e Hagberg (2007) denominam “modelo clássico da função gênica”, associado à teoria cromossômica da herança, inicialmente proposta por Walter Sutton e Theodor Boveri, e consolidada pelo grupo de Thomas Hunt Morgan, na Universidade de Columbia. O próprio Morgan (1928) se manteve ambivalente quanto ao caráter realista ou instrumentalista do gene ao longo de sua carreira, mas os avanços obtidos em seu grupo eventualmente levaram a uma compreensão do gene não mais como uma entidade abstrata, com papel

---

<sup>1</sup> Hugo de Vries foi um botânico holandês que construiu hipóteses acerca da existência de “unidades elementares de hereditariedade”. Em 1889, ele introduziu o termo “pangene” para denominar esses elementos, do qual Johannsen retirou as últimas sílabas para a formação da palavra “gene”. (KELLER, 2000, p. 32)



somente instrumental, mas como uma partícula real e indivisível, responsável pela transmissão das características fenotípicas. Assim, teve origem o conceito clássico de gene, conforme designação proposta por Gericke e Hagberg (2007). O gene era então visto como unidade de transmissão, função, mutação e recombinação e, a partir da elaboração de mapas de ligação (*linkage maps*) pelo grupo de Morgan, foi atribuída a eles uma localização definida e sequencial no cromossomo. Neste conceito, portanto, os genes eram situados em regiões específicas, que podiam sofrer mutações e recombinações que alterariam os traços fenotípicos (GERSTEIN *et al.*, 2007). Como parte da teoria cromossômica da herança, a ideia de que os cromossomos abrigavam genes seguidos uns aos outros levou à metáfora de que os genes seriam contas de um colar, característica do conceito clássico.

Por volta de 1940, as relações entre a genética e a bioquímica, que viriam a dar origem à biologia molecular, se tornaram cada vez mais vigorosas, aprofundando a interpretação realista dos genes. Entre os estudos que combinavam abordagens genéticas e bioquímicas, aqueles que George Beadle e Edward Tatum realizaram com o fungo *Neurospora* tiveram papel central na elucidação das relações entre mutações e alterações em enzimas envolvidas em vias metabólicas. A partir disso, foi formulado um novo modelo de função gênica, que Gericke e Hagberg denominam “bioquímico-clássico”. O conceito de gene associado a esse modelo está intimamente associado à famosa máxima “um gene-uma enzima”. Ou seja, o gene passou a ser visto como um produtor de enzimas. Nesse ponto da história do conceito de gene, o foco de atenção passou do gene como “unidade de transmissão”, que havia predominado até aquele momento na genética mendeliana, para o gene como “unidade de função”. Assim, a maior preocupação passou a recair sobre o aspecto funcional dos genes e seu vínculo com a determinação do fenótipo por meio das enzimas por eles produzidas (SANTOS *et al.*, 2012). Outras visões do gene como unidade, a saber, de recombinação e de mutação, cairiam por terra com o trabalho de Benzer (1957), que mostrou, ainda usando técnicas da genética clássica, que as unidades de função no material genético (em suas palavras, “cístrons”) são tipicamente maiores do que as unidades de recombinação e mutação. O gene continuou a ser visto como unidade de transmissão e de

função, mas com a prevalência desta segunda perspectiva, o que é evidenciado, inclusive, pela frequência com que o termo “cístron” é usado como sinônimo de gene na literatura de genética e biologia molecular.

Posteriormente, compreendeu-se que nem todos os produtos gênicos são enzimas, o que levou à substituição da máxima “um gene-uma enzima” por “um gene-uma proteína”. O entendimento de que proteínas podem ser formadas por várias cadeias polipeptídicas levou então à máxima “um gene-um polipeptídio” e, por fim, a compreensão de que RNAs também são produtos gênicos resultou na máxima “um gene-um polipeptídio ou RNA”. No entanto, estes foram desenvolvimentos que tiveram lugar sob a égide de um modelo de função gênica posterior, o modelo molecular-informacional, ao qual está relacionado o conceito molecular clássico de gene. Estes desenvolvimentos resultaram da proposição de um modelo para a estrutura do DNA, o modelo da dupla hélice.

Com a proposição, por Watson e Crick, do modelo da dupla hélice, em 1953, uma visão realista do gene como uma unidade estrutural e funcional no DNA se afirmou de modo decisivo. Após desenvolvimentos posteriores, como a hipótese da sequência e o chamado dogma central da biologia molecular, introduzidos por Crick, em 1958, um novo conceito de gene emergiu, que tem sido denominado na literatura filosófica “conceito molecular clássico” (GRIFFITHS & NEUMANN-HELD, 1999; NEUMANN-HELD, 1999). Este conceito, de acordo com o qual o gene é uma sequência de bases contínuas com início e fim bem definidos e localização constante (características estruturais), com a função específica de produzir um único polipeptídio ou RNA (característica funcional), ganhou largo uso na genética e biologia molecular. Com a hipótese da sequência, a relação entre genes e proteínas passou a ser entendida de modo fundamentalmente distinto, em termos de uma correspondência entre uma sequência de nucleotídeos na molécula de DNA e a sequência de aminoácidos de uma proteína.

Juntamente a essas mudanças em nossa compreensão dos genes, houve a incorporação de uma linguagem informacional na biologia molecular (KAY, 2000). O gene passou a ser entendido não apenas como uma unidade

estrutural e funcional, mas também como uma unidade informacional, ou seja, uma mensagem única e específica no DNA (SANTOS; EL-HANI, 2009). Assim, estabeleceu-se na comunidade científica o modelo molecular-informacional da função gênica (SANTOS *et al.*, 2012), que viria a ter grande prevalência no ensino de genética e biologia molecular. Esse modelo e o conceito associado a ele (conceito molecular clássico) ganharam larga aceitação a partir da década de 1960, sobretudo porque tornavam possível uma explicação integrada e heurísticamente fértil do gene em termos tanto estruturais quanto funcionais e, ao mesmo tempo, oferecia uma linguagem informacional que favoreceu a comunicação das ideias sobre genes e seu papel nos sistemas vivos, não só no interior da comunidade científica, mas também no campo educacional e nos meios de comunicação. Esta linguagem informacional acompanha com frequência a descrição estrutural e funcional do gene, levando ao que Stotz *et al.* (2004) chamam de concepção informacional.

Burian e Kampourakis (2013) fazem uma distinção entre conceitos de gene esquemáticos ou referencialmente indefinidos, de um lado, e definidos, de outro. No primeiro caso, temos conceitos que se mostram capazes de dar sentido à continuidade conceitual na história da genética, não obstante todas as transformações no significado dos genes mencionadas acima, mas fazem isso às custas de uma especificação precisa do referente do termo “gene”, por serem conceitos muito genéricos ou esquemáticos. Entre os conceitos discutidos acima, o conceito mendeliano e o conceito de gene-P têm essas características. Um conceito definido, por sua vez, fixa de modo mais específico o referente do termo “gene”, na medida em que se refere a uma entidade material bem delimitada, mas ao preço de uma descontinuidade conceitual. Isso porque o referente do termo “gene” varia entre os diferentes conceitos. Acima, os conceitos clássico, bioquímico-clássico, molecular clássico, informacional e de gene-D são conceitos definidos.

A partir do modelo da dupla hélice e do modelo molecular-informacional da função gênica, a genética e a biologia molecular tiveram um enorme desenvolvimento, alcançando, ainda na década de 1960, um tal sucesso na compreensão da estrutura e função do material genético (com avanços como a elucidação do código genético, a proposição de modelos de replicação,

transcrição e tradução que consolidaram o chamado dogma central da biologia molecular etc.) que em 1968 Gunther Stent chegou a afirmar que todos os grandes problemas da genética molecular estavam solucionados, bastando apenas resolver os detalhes. A ironia é que Stent fez tal comentário apenas uns poucos anos antes do desenvolvimento de técnicas de engenharia genética que produziram mudanças drásticas em nosso entendimento dos genes, a partir dos anos 1970. Além disso, com a disponibilidade de tais técnicas, não somente uma compreensão cada vez mais aprofundada da estrutura e função dos genes se tornou possível, mas também emergiu uma série de anomalias que levaram ao que tem sido chamado “problema do gene” (DIETRICH, 2000) ou “crise do gene” (e.g., KELLER, 2000; EL-HANI, 2007). Esta crise se refere ao fato de que, nos dias de hoje, há muitas dúvidas e controvérsias sobre o modelo molecular-informacional de função gênica e o conceito molecular clássico.

Essas dúvidas e controvérsias resultaram de avanços da genética e biologia molecular a partir dos anos 1970 que fazem hoje parte da ciência escolar, tanto na educação básica quanto no ensino superior. É importante, assim, que os alunos aprendam, em especial no ensino superior, que o conceito molecular clássico, o qual eles fundamentalmente aprendem quando se trata de genes, é hoje um conceito controverso e contestado, exatamente por causa de fenômenos que fazem parte dos próprios currículos que estão experienciando. Além disso, parece importante discutir a proliferação de novas ideias a respeito dos genes no contexto contemporâneo, como reações à crise do gene, todas elas ainda objeto de discussão (SANTOS *et al.*, 2012; MEYER *et al.*, 2013).

### **Por que o conceito molecular clássico de gene está em crise?**

O conceito molecular clássico enfrenta hoje dificuldades de tal monta que tem sido colocado em dúvida se realmente entendemos o que são genes (e.g., PEARSON, 2006). Essas dificuldades constituem anomalias que decorreram do próprio desenvolvimento da pesquisa em genética e biologia molecular, como não é raro acontecer (ver, e.g., KUHN, [1970]1996).

Desde a década de 1950, logo após ter emergido, o conceito molecular clássico tem enfrentado problemas, a começar pelos estudos de François Jacob

e Jacques Monod (1959) que levaram a uma classificação dos genes em dois tipos: genes estruturais – aqueles que codificam proteínas envolvidas no funcionamento (enzimas) e na construção do organismo – e genes reguladores – aqueles que regulam a expressão dos genes estruturais. Os próprios Jacob e Monod afirmam, contudo, que esse avanço não contradizia o conceito molecular clássico, mas o ampliava (KELLER, 2000), já que os genes regulatórios também são traduzidos em proteínas e, assim, podem ser considerados unidades estruturais, funcionais e informacionais do material genético (EL-HANI, 2005).

A situação é bastante distinta, contudo, no caso das regiões regulatórias, das quais depende a transcrição e, assim, a atividade dos genes, como, por exemplo, promotores e amplificadores (*enhancers*). Sequências que afetam o que será transcrito também podem ser consideradas genes? Temos um problema com duas versões: uma sequência regulatória é um gene? Ou, mesmo não sendo um gene, uma sequência regulatória deveria ser incluída num gene? Por exemplo, o *operon lac* consiste de três genes estruturais (*lacZ*, *lacY* e *lacA*) e de sequências regulatórias (promotores, operador e terminadores) que controlam a transcrição. Esses três genes estruturais são adjacentes e estão orientados na mesma direção, sendo co-transcritos num mRNA policistrônico. A questão, portanto, é se estas sequências regulatórias seriam parte dos genes. Contudo, isso traz a dificuldade adicional de que, tipicamente, *lacZ*, *lacY* e *lacA* são tratados como genes distintos. Logo, de qual gene exatamente as sequências regulatórias seriam parte? Ou deveriam ser consideradas partes dos três genes e estes seriam, então, todos superpostos, dado que compartilham as regiões regulatórias?

Se, em procariotos, já há complicações importantes na possível inclusão de regiões regulatórias nos genes<sup>2</sup> em eucariotos, a situação é ainda mais

---

<sup>2</sup> Para que não pareça que estamos analisando uma ideia que jamais foi proposta, vale a pena considerarmos o seguinte trecho de uma edição anterior de um dos livros didáticos analisados no presente estudo, no qual se pode verificar uma proposta de inclusão das regiões regulatórias no gene, mesmo reconhecendo que elas podem se encontrar a considerável distância da região codificadora: “Em termos moleculares, um gene comumente é definido como *toda a sequência de ácido nucleico que é necessária para a síntese de um produto gênico funcional (polipeptídio ou RNA)*. De acordo com esta definição, um gene inclui mais do que os nucleotídeos que codificam a sequência

complexa, dado que, nesse caso, regiões regulatórias podem estar muito distantes do gene estrutural em cuja regulação estão envolvidas e podem, além disso, estar envolvidas na regulação de mais de um gene, o que também implicaria uma substancial superposição gênica. Regiões amplificadoras (*enhancers*), por exemplo, podem se situar a distâncias consideráveis dos genes que ativam, interagindo com mais de um promotor, inclusive em cromossomos diferentes, e, assim, ativando mais de um gene (MARSMAN; HORSFIELD, 2012). Além disso, podem ser encontradas em DNA codificante (mais raramente) ou não-codificante, o que adiciona ainda a dificuldade de que *enhancers* podem ser transcritos, mas, ainda assim, faz pouco sentido considerá-los algum tipo de gene regulatório.

Epp (1997) argumenta que as regiões regulatórias não devem ser consideradas genes, porque a definição de gene se refere a “o que é” e, se inclusas as regiões regulatórias, passaria a ser uma definição que designa, também, o modo “como é usado”. Além disso, considerar tais regiões como genes traria, argumenta ele, dificuldades adicionais para a compreensão do que é um gene, visto que há diferentes tipos de elementos regulatórios, que geralmente operam de forma complexa. Para Epp, os genes correspondem somente às sequências de nucleotídeos que armazenam a informação específica da ordem dos monômeros de um produto final funcional, seja um polipeptídeo, uma molécula de RNA, ou um conjunto de isoformas<sup>3</sup> intimamente relacionadas.

Em contrapartida, Griffiths e Neumann-Held (1999) propõem uma metáfora interessante: o nosso DNA poderia ser comparado a uma sequência

---

de aminoácidos de uma proteína, referidos como a *região codificante*. Um gene também inclui todas as sequências de DNA requeridas para a síntese de um transcrito particular de RNA. Em genes eucarióticos, regiões de controle da transcrição conhecidas como *enhancers* podem se situar a 50Kb ou mais da região codificadora” (LODISH et al., 2003, p. 406). Este trecho continua presente na edição analisada neste estudo, ainda que em versão modificada (ver página 110).

<sup>3</sup> Isoformas são formas distintas de uma proteína, que podem ser geradas por sequências de nucleotídeos similares no DNA ou a partir do *splicing* alternativo de sequências de DNA.

de letras sem espaços e sem pontuação e, dependendo do estado do desenvolvimento das células, esses espaços e pontuações seriam colocadas para direcionar o modo como a leitura seria feita. Essa forma de ler não seria parte do texto? Se considerarmos que essa “pontuação” é parte da leitura, teríamos que considerar como parte do conceito de gene o modo “como é usado”, incluindo, assim, em sua definição, todos os elementos regulatórios, o que desafia a característica estrutural de o gene ter uma origem e um término bem definidos. Isso os conduz ao que denominam “conceito molecular processual do gene”, de acordo com o qual um gene consiste em todo o processo molecular subjacente à capacidade (de uma célula) de expressar um produto particular (polipeptídio ou RNA). Trataremos desse conceito em mais detalhes na próxima seção.

Os estudos com eucariotos foram essenciais para que começassem a surgir desafios importantes ao conceito molecular clássico. Em sua maioria, esses desafios decorrem da ideia de unidade associada ao conceito molecular clássico, resultante da justaposição do conceito clássico de gene a esta interpretação molecular (FOGLE, 1990). Isto é, é a relação unitária entre uma região de DNA, um produto gênico e uma função específica que foi desafiada de modo cada vez mais profundo pelos achados da pesquisa genética e molecular nas três últimas décadas do século XX.

No fim dos anos 1970, Richard Roberts e Phillip Sharp mostraram que muitos genes eucariotos não são contínuos e que sequências de pares de base devem ser retiradas para a síntese do RNA mensageiro maduro, por meio de um processo que foi denominado *splicing* (KELLER, 2000). Essas sequências não-codificantes foram denominadas íntrons e as sequências codificantes, éxons por Walter Gilbert (1978). Os íntrons – assim como outras regiões não-codificantes do DNA – foram por muito tempo tratadas como DNA lixo (“junk DNA”, KELLER, 2000, p. 59), uma compreensão que foi alterada à medida que se acumularam evidências de que sequências não-codificantes, inclusive intrônicas, cumprem papéis importantes no genoma, sobretudo em termos regulatórios.

Além da dificuldade dos genes interrompidos, que colocaram em xeque a ideia do gene como unidade estrutural contínua no DNA, característica do

conceito molecular clássico, estudos posteriores sobre o *splicing* evidenciaram problemas adicionais, como o *splicing* alternativo. Esse fenômeno é um dos aspectos mais significativos da complexidade funcional do genoma em eucariotos, tornando possível a existência de uma variedade proteica muito maior do que o suposto número de genes (JOAQUIM; EL-HANI, 2010). Pan e colaboradores (2008) estimam, por exemplo, que o *splicing* alternativo pode ocorrer em cerca de 95% dos genes humanos. O *splicing* alternativo decorre do fato de que a retirada dos íntrons de um RNA precursor pode ser feita de formas diferentes, de modo que uma mesma região transcrita do DNA pode gerar diferentes produtos. Assim, não é observada uma relação entre um gene, um produto gênico e uma função, como proposto no conceito molecular clássico.

Outros fenômenos observados em eucariotos que constituem desafios ao conceito molecular clássico são apresentados na Tabela 1.

Nesse cenário, as duas últimas décadas do século XX merecem especial atenção, porque o advento da genômica, de métodos de sequenciamento rápidos, eficientes e de baixo custo, das bases de dados de capacidade elevada (*high throughput databases*) levou a uma revolução em nossa compreensão dos genes, genomas, herança, sistemas celulares. Muitos desses avanços estiveram associados ao Projeto Genoma Humano (PGH) e aos demais projetos genoma. Os resultados desses projetos e de outros que seguiram a eles, como o projeto ENCyclopedia Of DNA Elements (ENCODE; em português Enciclopédia dos Elementos do DNA), trouxeram ainda mais desafios para o conceito molecular clássico de gene, na medida em que mostraram de uma maneira sem precedentes a complexidade estrutural e o dinamismo do genoma.

Fenômeno	Descrição	Consequência
LOCALIZAÇÃO E ESTRUTURA GÊNICA	Genes intrônicos	Dois genes no mesmo <i>locus</i> .



Genes com quadros de leitura sobrepostos	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 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.
VARIAÇÕES ESTRUTURAIS		
Elementos móveis	Elementos genéticos aparecem em novos locais ao longo das gerações.	Um elemento genético pode não ser constante em sua localização.
Rearranjos gênicos/variantes estruturais	O rearranjo do DNA ou <i>splicing</i> em células somáticas resulta em muitos produtos gênicos alternativos.	A estrutura gênica pode ser diferente entre indivíduos e prole, e entre células/tecidos.
ESTRUTURA EPIGENÉTICA E CROMOSSÔMICA		
Modificações epigenéticas, <i>imprinting</i>	A informação herdada pode não ser baseada na sequência de DNA. A expressão gênica	O fenótipo não é determinado estritamente pelo genótipo.

	depende da origem (maternal ou paternal) da sequência, entre outros fatores.	
Efeitos da estrutura da cromatina	A estrutura da cromatina, que influencia na expressão gênica, é associada imprecisamente com uma sequência particular de DNA.	A sequência de DNA não é suficiente para prever o produto gênico.
EVENTOS PÓS-TRANSCRICIONAIS		
<i>Splicing</i> alternativo de RNA	Um transcrito pode gerar múltiplos RNAs mensageiros, resultando em produtos proteicos diferentes.	Múltiplos produtos a partir de um <i>locus</i> genético; a informação no DNA não é linearmente relacionada com aquela da proteína.
<i>Trans-splicing</i> de RNA	Sequências de DNA distantes podem codificar transcritos ligados por diferentes combinações.	Uma proteína pode resultar de informações combinadas, codificadas em múltiplos transcritos.
EVENTOS PÓS-TRADUCIONAIS		
Edição de mRNA	O RNA é enzimaticamente modificado, isto é, enzimas atuam no processo de edição de partes do RNAm.	A informação no RNA não é codificada diretamente nas sequências de DNA.

<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
<i>Trans-splicing</i> de proteína	Não só os transcritos, mas também proteínas distintas podem sofrer <i>trans-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 1: Fenômenos que representam anomalias em relação ao conceito molecular clássico de gene. Adaptado de Gerstein *et al.* (2007).

O PGH levou a muitas expectativas de que o sequenciamento seria capaz de explicar quais eram e onde se localizavam os genes humanos, como eles estariam relacionados a diferentes fenótipos, especialmente doenças, e como ocorreria a interação entre eles. Desse modo, o PGH foi originalmente marcado por uma visão determinista genética, assumindo que os genes seriam responsáveis pelas características fenotípicas, com outros fatores, como os ambientais, atuando no máximo como disparadores (*triggers*) de padrões de expressão gênica. Contudo, uma vez que genomas sequenciados foram se tornando disponíveis, mostrou-se muito difícil identificar e localizar os genes e relacioná-los a fenótipos. Apesar dos avanços nas técnicas de anotação gênica, que facilitaram a identificação de genes a partir do conhecimento acumulado sobre sequências de DNA e suas relações com funções celulares (portanto, de modo indutivo), ficou cada vez mais claro que não se poderia ter a expectativa de correlacionar a sequência de nucleotídeos no DNA diretamente com a função gênica. Ou seja, a proporção 1:1:1 entre região de DNA, produto e função gênica não se manteve e isso foi parte da crítica crescente ao modo determinístico genético e mesmo reducionista de pensar. Como comenta Keller (2000), esta crítica e a concomitante emergência de uma preocupação com uma biologia de sistemas, malgrado a controvérsia ainda atual sobre como entender exatamente seus fundamentos (e.g., WOLKENHAUER, 2001; BOOGERD *et al.*, 2007; BITTNER; DOUGHERTY, 2012), podem até mesmo ser consideradas o maior legado dos projetos genoma. Por muitos anos, a crença era de que encontrar o segredo da vida seria simples: bastava decodificar a sequência de nucleotídeos de DNA para entender o que seria um organismo. Depois do PGH e dos demais projetos genoma, ficou claro que há muito o que elucidar para chegar da informação genética ao seu significado biológico, para compreender como as sequências de DNA se transformam em fenômenos biológicos (KELLER, 2000).

O Projeto ENCODE, por sua vez, é um consórcio de colaboração internacional financiado pela instituição norte-americana *National Human Genome Research Institute* (NHGRI; em português, Instituto Nacional de Pesquisa sobre o Genoma Humano), lançado em 2003, com o principal objetivo de identificar todas as sequências funcionais no genoma humano. O Projeto

ENCODE deu destaque crescente, com o mapeamento da atividade transcricional e regulação gênica, a diversos fenômenos que haviam antes merecido menor atenção, como, por exemplo, pseudogenes transcritos, sítios de início de transcrição alternativos (que, além de se situarem em localizações distantes das sequências sob sua influência, podem ser compartilhados por vários genes), novos elementos regulatórios dispersos pelo DNA, novas regiões de RNAs não codificantes (ncRNA), que passaram a ser consideradas regiões transcricionalmente ativas, muitas com importantes funções regulatórias (GERSTEIN et al., 2007). Estes últimos achados, em particular, afetaram bastante o conceito molecular clássico de gene, em grande parte por estarem relacionados a regiões que antes eram consideradas DNA lixo, mas passaram a ser entendidas como sequências que são transcritas em RNA e cumprem funções importantes.

Pseudogenes, por sua vez, sempre foram considerados cópias defeituosas e inativas de genes, à luz do conceito molecular clássico. Porém, alguns estudos têm mostrado que pseudogenes podem ser mais complexos do que se imaginava, podendo ser transcritos e atuar na regulação gênica. Além disso, se considerarmos que uma mesma sequência pode ser considerada pseudogene em uma espécie e gene em outra, como no caso do gene da fosfoglicerato mutase 3 (PGMA3), pseudogene em humanos e gene ativo em chipanzés, como poderemos sustentar que a mesma sequência em uma espécie seja gene e em outra não? Este caso mostra quão arbitrários podem ser os juízos sobre quais sequências de DNA são ou não genes (JOAQUIM; EL-HANI, 2010).

Sintetizando parte dos desafios ao conceito molecular clássico de gene, alguns achados indicam desvios de uma proporção 1:1:1 entre genes, produtos e função gênica, como sumarizados por Pardini e Guimarães (1992, adaptado por EL-HANI, 2007).

- (i) Um para muitos: um segmento de DNA dá origem a diversos produtos gênicos. Essa relação é exemplificada pelo *splicing* alternativo (figura 1).

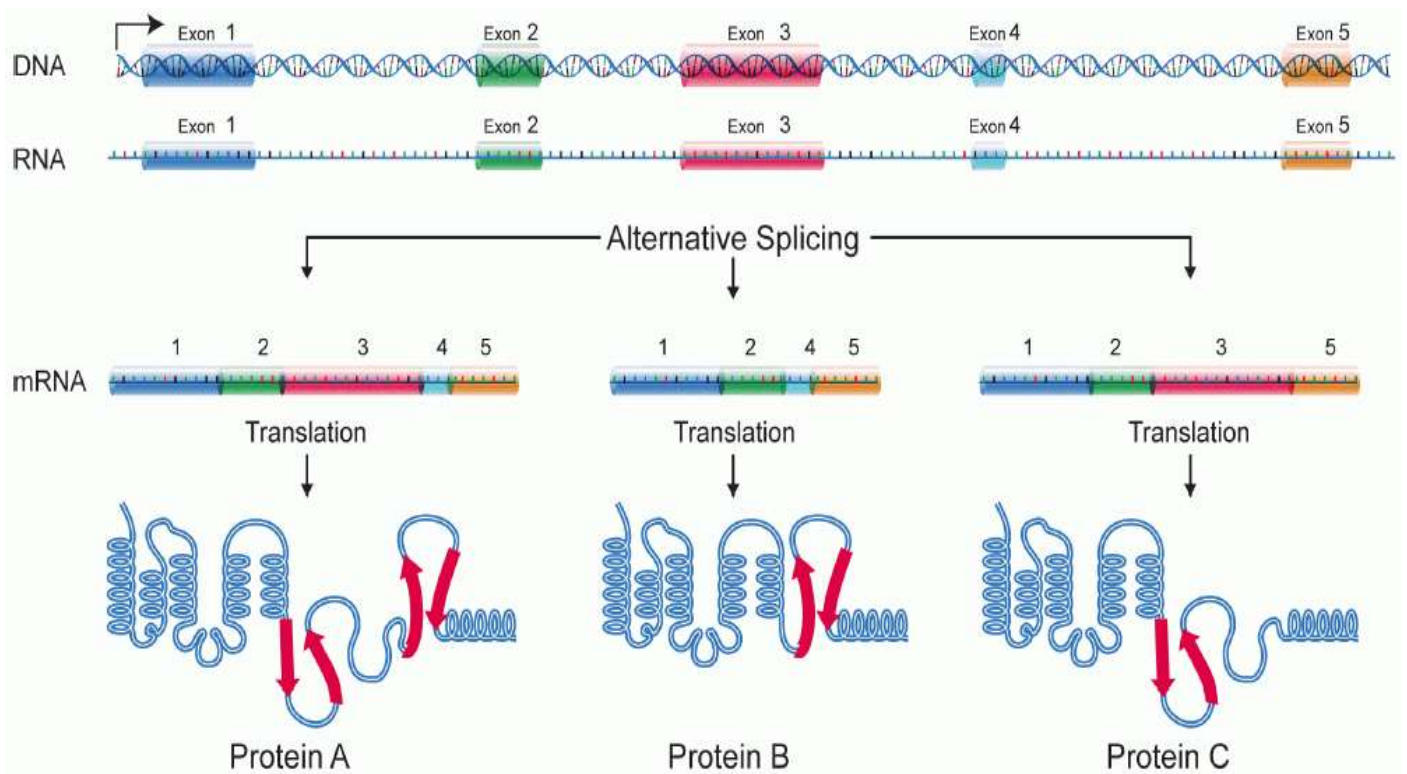
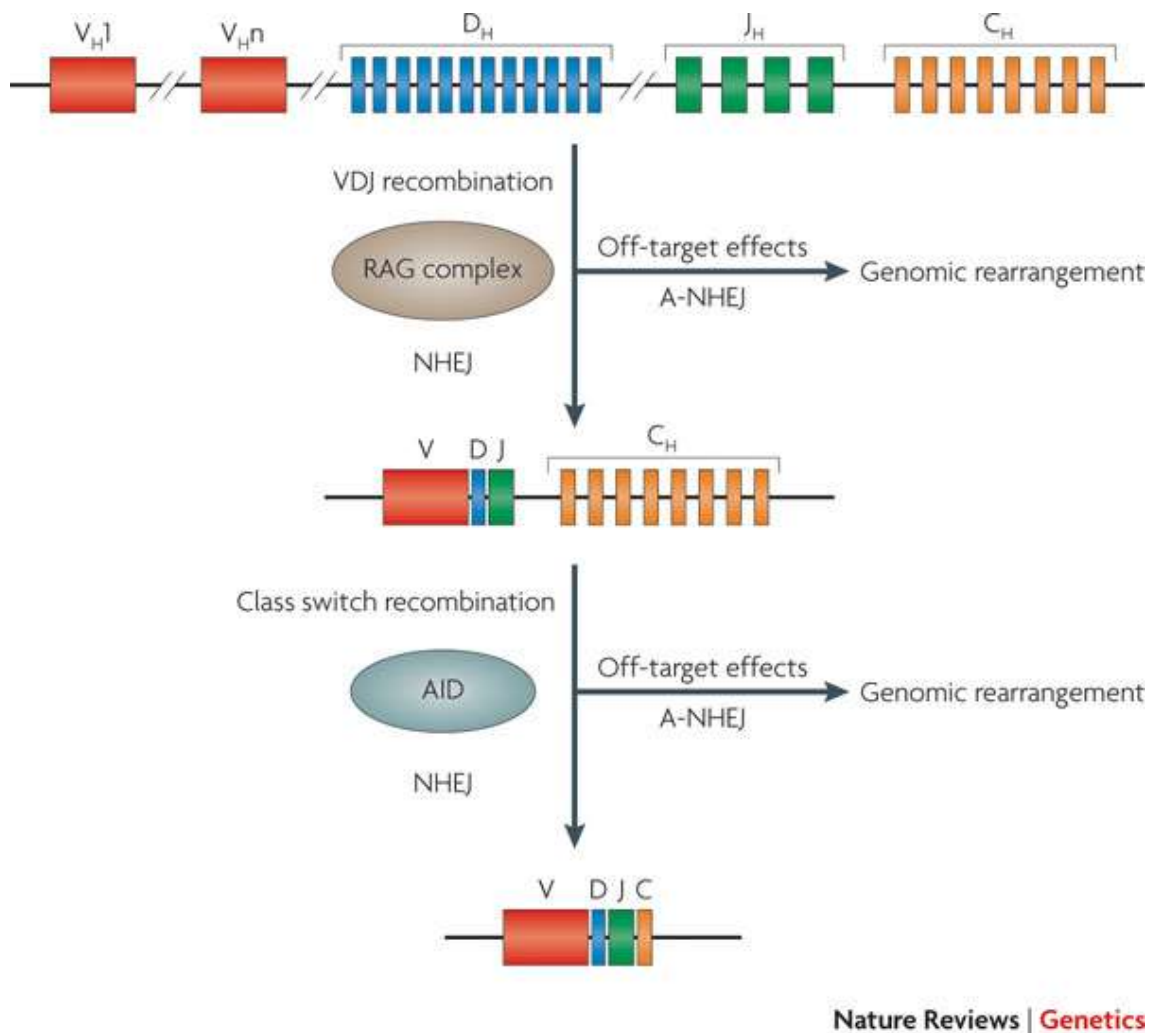


Figura 1: Representação do *splicing* alternativo. Observa-se que, após a retirada dos íntrons da fita de DNA, os éxons podem ser combinados de múltiplas formas, não havendo relação de um segmento do DNA para uma única proteína. As diversas proteínas originadas pelo *splicing* alternativo não chamadas de isoformas.<sup>4</sup>

- (ii) Muitos para um: é necessário que diversos segmentos de DNA se unam para formar um único produto gênico. Como exemplo, temos os casos de rearranjo genômico, como na geração da diversidade de anticorpos no sistema imunológico (figura 2)

<sup>4</sup> Retirado de:

[https://en.wikipedia.org/wiki/Alternative\\_splicing#/media/File:DNA\\_alternative\\_splicing.gif](https://en.wikipedia.org/wiki/Alternative_splicing#/media/File:DNA_alternative_splicing.gif) Acesso 10 maio 2016.



Nature Reviews | Genetics

Figura 2: Representação da recombinação VDJ. Nota-se que, na fita de DNA, os segmentos V, D e J estão localizados em regiões distantes do DNA, ou seja, há a recombinação de diversos segmentos para originar um produto final.<sup>5</sup>

- (iii) Ausência de correspondência entre o segmento de DNA e os produtos gênicos. É o caso da edição de mRNA. Um exemplo de edição de mRNA é o da troca de citosinas por uracilas após a transcrição do gene da apolipoproteína, que diferencia a apolipoproteína B expressa no fígado (Apo B100 – que não sofre

<sup>5</sup> Retirado de Many; Chinnaiyan (2011). Disponível em:

<http://www.nature.com/nrg/journal/v11/n12/full/nrg2883.html> Acesso em: 10 maio 2016.

edição) daquela expressa no intestino (Apo B48 – que sofre edição) (figura 3).

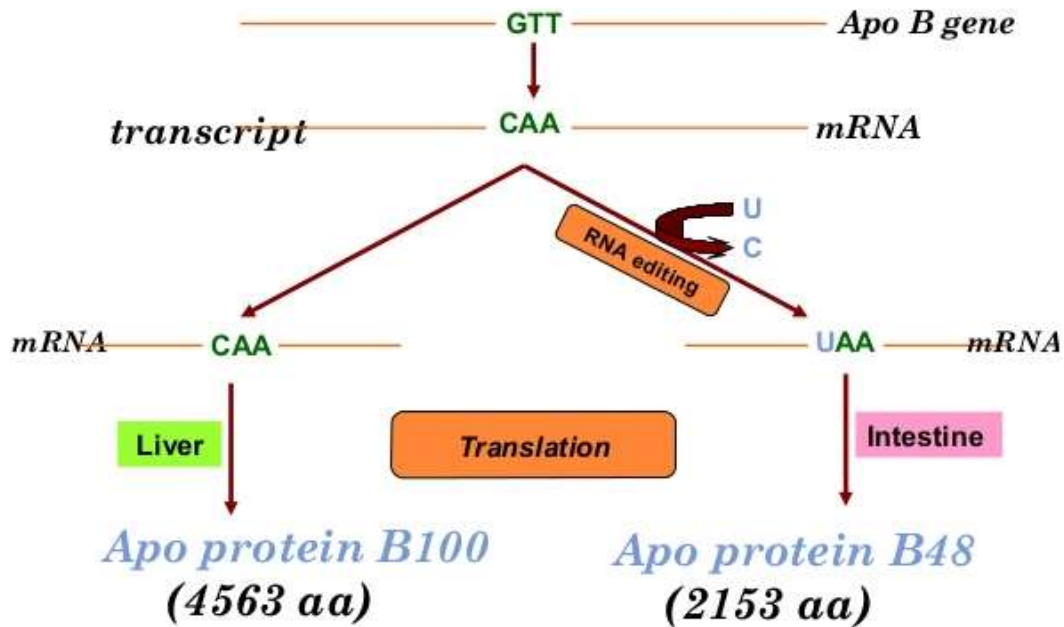


Figura 3: Representação da edição de mRNA na alipoproteína B. Nesse fenômeno não há correspondência entre a sequência de DNA e o produto final, visto que há uma troca de sequências (citocina por uracila) no mRNA quando expresso no intestino, enquanto a expressão no fígado não sofre alterações.<sup>6</sup>

Diante do que apresentamos, podemos dizer que o conceito molecular clássico estaria em crise? O que seria uma crise? Como nos lembrou o ex-presidente norte-americano John F. Kennedy, em um discurso em Indianápolis<sup>7</sup>,

<sup>6</sup> Disponível em:

[https://www.google.com.br/imgres?imgurl=http%3A%2F%2Fimage.slidesharecdn.com%2Fregulationofgeneexpression1-160401040523%2F95%2Fregulation-of-gene-expression-1ppt-ars-45-638.jpg%3Fcb%3D1459483537&imgrefurl=http%3A%2F%2Fwww.slideshare.net%2Fbiochemistry1234%2Fregulation-of-gene-expression-1ppt-ars&docid=in9UQEevoC95M&tbnid=3FY\\_vlZizCeorM%3A&w=638&h=479&bih=955&biw=1920&ved=0ahUKEwj35MXNpNDMAhUDq5AKHZO\\_C5AQMwhRKCowKq&iact=mr&uact=8](https://www.google.com.br/imgres?imgurl=http%3A%2F%2Fimage.slidesharecdn.com%2Fregulationofgeneexpression1-160401040523%2F95%2Fregulation-of-gene-expression-1ppt-ars-45-638.jpg%3Fcb%3D1459483537&imgrefurl=http%3A%2F%2Fwww.slideshare.net%2Fbiochemistry1234%2Fregulation-of-gene-expression-1ppt-ars&docid=in9UQEevoC95M&tbnid=3FY_vlZizCeorM%3A&w=638&h=479&bih=955&biw=1920&ved=0ahUKEwj35MXNpNDMAhUDq5AKHZO_C5AQMwhRKCowKq&iact=mr&uact=8) Acesso 10 maio 2016.

<sup>7</sup> Ver:



em 1959, "no idioma chinês, a palavra 'crise' é composta de dois caracteres, um que representa perigo e outro que representa oportunidade".

A situação atual do conceito molecular clássico pode ser entendida como uma de perigo e oportunidade, ou, como argumenta El-Hani (2007), o gene se encontra entre a cruz e a espada. O perigo está em fechar os olhos para os fenômenos que desafiam o conceito molecular clássico e abordá-los como se fossem exceções ou como se pudessem ser encaixados, de alguma forma simples, nesse conceito, sem alterá-lo de modo importante, talvez tão radical que não haja outra saída, como propõem alguns autores, que não o abandono do conceito de gene (PORTIN, 1993; GELBART, 1998, KELLER, 2000). Keller (2000, p. 85), por exemplo, argumenta que o peso das descobertas da biologia molecular e da genética teria levado o conceito de gene a um colapso e que talvez seja a hora de inventarmos palavras novas para falar sobre sistemas genéticos. Nos termos de Burian e Kampourakis (2013), o conceito de gene teria se tornado referencialmente indefinido novamente (ver FALK, 1986), após vários anos de prevalência de um conceito definido, o molecular clássico.

Por sua vez, a oportunidade está justamente em se trabalhar os diversos significados que podem ser atribuídos ao termo "gene", inclusive numa busca por novos conceitos definidos (*sensu* BURIAN; KAMPOURAKIS, 2013). A própria Keller mudou sua opinião sobre o abandono do conceito de gene alguns anos mais tarde (KELLER, 2005), argumentando que ele deveria ser reformulado para enfrentar os desafios da complexidade biológica, bem como a interação entre os processos e as entidades que compõem os sistemas vivos<sup>8</sup>. Os genes poderiam, inclusive, deixar de ser entendidos como substantivos, para serem verbos, dizendo-se que a célula "geneia", isto é, constrói genes a partir de seus sistemas de memória em resposta a condições celulares e extracelulares (SANTOS *et al*, 2012).

---

<http://www.ifklibrary.org/Research/Research-Aids/Ready-Reference/JFK-Quotations.aspx#C> acesso em 02 out 2015.

<sup>8</sup> Ainda que alguns anos mais tarde tenha voltado a mudar de posição (KELLER; HAREL, 2007; KELLER, 2010).

Na medida em que genes são entendidos como produtos das respostas dinâmicas de células às suas condições internas e externas, a riqueza e variabilidade dos mecanismos de processamento do material genético corresponde a uma riqueza de produtos alternativos, desde a transcrição do material genético até a interação dos produtos gênicos em redes complexas, dentro da célula e entre células (BURIAN; KAMPOURAKIS, 2013). Como esses autores argumentam, para responder quais trechos de ácidos nucleicos contam como genes, deve-se considerar não apenas as sequências nucleotídicas e as funções gênicas, mas também os mecanismos em operação em células e compartimentos específicos, em resposta a processos regulatórios que atravessam diferentes níveis de complexidade do organismo. Desse modo, diferentes genes poderão ser especificados, de modo dependente do contexto, num sentido amplo e relevante. Se uma “fase de leitura aberta” (ORF)<sup>9</sup> for localizada no DNA, para sabermos se ela está incluída ou não num gene, teremos de levar em conta o contexto fisiológico. Por exemplo, em certos contextos, ela pode ser mantida num mRNA maduro após processamento, constituindo, assim, um éxon e sendo incluída num gene. Mas, sendo um trecho sujeito a *splicing* alternativo, ela pode ser excisada do mRNA maduro em outros contextos, sendo, nesse caso, um íntron e, assim, não fazendo parte de um gene. Ou seja, mesmo quando lidamos com o gene numa visão proximal, molecular, podemos identificar vários genes num mesmo trecho de DNA, de maneira dependente do contexto. Não há uma referência única para o termo “gene”, mesmo quando aplicado a um caso bastante localizado, um trecho de uma molécula de DNA. Como discutem Burian e Kampourakis (2013), essa dependência de contexto afasta a genética e a biologia celular e molecular de formas mais estritas de reducionismo, porque um gene definido com base na sequência nucleotídica não pode ser compreendido a não ser que seja colocado no contexto da organização de organismos, células ou compartimentos unicelulares em que está localizado e do ambiente em que esses níveis superiores de organização se encontram. Isso dá um sentido claro ao movimento

---

<sup>9</sup> Uma fase de leitura aberta é um trecho da sequência de nucleotídeos que pode codificar polipeptídeos, porque não contém qualquer códon de terminação de cadeia (UAA, UAG e UGA).

da pesquisa genética e molecular de abordagens reducionistas num sentido bastante estrito, como no começo dos projetos genomas, a abordagens com uma intenção mais sistêmica, como na genômica funcional, na proteômica ou na biologia de sistemas.

Esse movimento tem ocorrido, contudo, às custas de uma proliferação de conceitos de gene, seja num sentido mais amplo, de uma reação à crise do conceito molecular clássico que gerou novos esforços amplos de redefinir em termos teóricos o que entendemos por “gene”, seja num sentido mais estrito, de que ao aplicar tal termo a sequências de DNA (ou mesmo RNA), podemos capturar diferentes referentes na mesma sequência. A expressão “variação conceitual” se recobre, nesse contexto, dessa dupla significação. Seja como for, a variação conceitual em relação ao termo “gene” não é necessariamente um problema. Como El-Hani (2007) propõe, a referência do termo “gene” não precisa ser unívoca e inteiramente geral para ser útil. Pode-se explorar uma diversidade de significados que podem ser atribuídos a ele, em termos amplos, ou de referentes que ele pode capturar, em termos estritos, desde que os referentes aos quais o termo está sendo aplicado estejam clara e explicitamente demarcados. Se isso não for feito, a variação conceitual pode tornar-se confusão semântica e ambiguidade (GERICKE *et al.*, 2014), minando a comunicação efetiva no uso do termo “gene”, seja na ciência escolar, seja no discurso social ou na mídia, seja no discurso científico.

É especialmente importante abordar tanto os perigos quanto as oportunidades que cercam o conceito de gene no contexto educacional, seja na educação básica ou no ensino superior, certamente com graus distintos de aprofundamento. Nesta seção, discutimos os perigos que assolam o conceito de gene. Na seção seguinte, discutiremos propostas de alguns pesquisadores acerca do significado do conceito de gene, como um meio de examinar as oportunidades de sua presente situação.

### **Reações à crise do conceito molecular clássico de gene**

Diante da crise do conceito molecular clássico, várias reações têm aparecido na literatura desde os anos 1990. Nesta seção, oferecemos uma visão

panorâmica sobre estas reações. Embora debates sobre várias dessas propostas possam ser encontrados na literatura, optamos por não considerar aqui as críticas a elas, na medida em que isso tornaria o argumento muito extenso, sem maiores ganhos no escopo do presente trabalho.<sup>10</sup>

Como discutimos acima, as anomalias que afetam o conceito molecular clássico decorrem da ideia mendeliana de unidade, que foi superposta a este conceito, desde sua emergência nos anos 1950 (FOGLE, 1990, 2000), quando o gene foi interpretado como uma unidade de estrutura, função e informação. Não obstante o papel heurístico desempenhado pela integração de estrutura e função gênica no conceito molecular clássico, nas últimas três décadas do século XX o conhecimento crescente sobre os sistemas genéticos, especialmente em eucariotos, mostrou sua insustentabilidade. Diante do diagnóstico de que os problemas enfrentados pela compreensão dominante de gene guardavam relação com a ideia de unidade, Fogle (1990) apresentou uma das primeiras reações a esses problemas, com sua proposta de que genes são conjuntos de domínios no DNA. Assim, a ideia clássica de unidade seria abandonada e o gene seria entendido como uma combinação de domínios sequenciais, superpostos e aninhados de DNA. Os “domínios” são sequências de nucleotídeos distinguidas por suas propriedades estruturais e/ou atividades (éxons, íntrons, promotores, *enhancers*, operadores, entre outros). Nesses termos, os genes não estariam no DNA, mas apenas os domínios, que seriam combinados de diversas formas no processo de expressão. Um mesmo domínio poderia fazer parte de mais de um gene, de modo que não existiria no DNA qualquer unidade que corresponderia ao gene. Ao romper com a ideia do gene como unidade estrutural, a proposta de Fogle acomoda uma série de anomalias que atingem o conceito molecular clássico, como os genes superpostos ou aninhados, ou o *splicing* alternativo.

Outra reação ao problema de gene que data de mais de duas décadas atrás se encontra em Pardini e Guimarães (1992). Estes autores argumentam que a relação entre a informação codificada no DNA e o produto decodificado a

---

<sup>10</sup> Entre os trabalhos que se debruçam criticamente sobre tais propostas, temos Moss (2001), Knight (2007), El-Hani *et al.* (2009), Scherrer & Jost (2007a); Meyer *et al.* (2013).

partir dela é ambígua, pois em muitos casos – como vimos acima – uma sequência de DNA produz de vários a muitos produtos, com múltiplas funções. Eles também propõem um modo de entender os genes que rompe com a ideia clássica de unidade, em seu conceito sistêmico de gene. De acordo com eles, o gene seria “a combinação de (uma ou mais) sequências de ácidos nucleicos (DNA ou RNA), definidos pelo sistema (toda a célula, interagindo com o ambiente, ou somente o ambiente, em sistemas sub- ou pré-celulares)” (PARDINI; GUIMARÃES, 1992, p. 717). Enquanto em procariotos ainda encontramos uma correspondência unívoca entre sequências de ácidos nucleicos e produtos gênicos, em eucariotos é comum um mesmo segmento de DNA ser decodificado de múltiplas maneiras, a depender do contexto celular e extracelular, que afeta os processos de expressão gênica, tornando a estrutura e a função do gene, como combinação de sequências de nucleotídeos, dependente do contexto espacial e temporal no qual esse gene é construído.

As interpretações do gene tanto como conjuntos de domínios quanto em termos sistêmicos fazem alusão aos processos de expressão da informação codificada no DNA, que especificam ou demarcam o gene, mas não incluem tais processos no próprio gene. Esta última visão foi defendida por Griffiths e Neumann-Held (1999), em seu conceito molecular processual de gene. De acordo com esse conceito, o termo “gene” denota “... o processo recorrente que leva à expressão temporal e espacialmente regulada de um produto polipeptídico particular” (GRIFFITHS; NEUMANN-HELD, 1999, p. 659). Há uma importante mudança ontogenética no conceito de gene, que passa a ser entendida como um processo, não mais como uma sequência particular de nucleotídeos no DNA. Uma vez que o processo de expressão da informação no DNA é incorporada ao gene processual, assim como as condições epigenéticas que podem afetar a expressão gênica, fenômenos como o *splicing* alternativo e a edição de mRNA podem ser acomodados. Nesse conceito, o foco recai sobre a função gênica e a descrição do gene como entidade física é tomada como condição necessária mas não suficiente para compreender o papel da informação codificada no DNA nos sistemas celulares, dada a dependência da função de um segmento de DNA ao contexto de sua expressão.

O entendimento dos genes como processos também é encontrado em El-Hani *et al.* (2009), que elaboraram uma análise semiótica do processamento da informação genética, de acordo com a teoria dos signos de Charles S. Peirce, na qual propõem dois modos distintos de entender os genes. Numa interpretação menos radical, eles ainda localizam os genes no DNA, como signos potenciais, cujos efeitos sobre a célula têm lugar por um processo semiótico que envolve, de modo irreduzível, três elementos: uma sequência de DNA, como um signo; uma sequência específica de aminoácidos, como objeto do signo; e um espectro de interpretações possíveis do signo no DNA, i.e., um conjunto de possibilidades de reconstrução de sequências de aminoácidos, como interpretante. Fenômenos como o *splicing* alternativo ou a edição de mRNA podem ser acomodados nessa maneira de entender o gene e, embora genes ainda sejam situados no DNA, entende-se que seu significado somente emerge num nível sistêmico, superior ao molecular, irreduzível ao DNA. Nesta interpretação, apenas a informação genética é entendida como um processo, coordenado pela célula, concebida como intérprete de signos encontrados em seu sistema de memória, em resposta a seu contexto ambiental, intra- e extra-orgânico. Desse modo, busca-se dar um significado mais preciso ao conceito de informação genética e, em termos mais gerais, à linguagem informacional que marca a biologia molecular, mas é usualmente considerada mais metafórica do que teoricamente consistente (*e.g.*, GRIFFITHS, 2001).

Numa interpretação mais radical dos resultados de sua análise semiótica, El-Hani e colaboradores (2009) concebem os genes como processos que emergem ao nível dos sistemas nos quais sequências de DNA são interpretadas, envolvendo tanto a célula quanto seu ambiente. Genes não se encontrariam, pois, no DNA, mas seriam construídos pela célula, de uma maneira que lembra as propostas de Fogle (1990, 2000) e Pardini e Guimarães (1992), mas numa interpretação processual, como encontramos em Griffiths e Neumann-Held (1999).

Outra reação à crise do conceito de gene é encontrada em trabalhos de Moss (2001, 2003), que analisa os significados atribuídos ao gene e diferencia dois modos distintos de compreender os genes: o conceito de gene-P, no qual um significado distinto é atribuído ao gene, e o conceito de gene-D, entendido

de forma realista. Tem-se, portanto, de dois modos de entender o gene, que cumprem papéis distintos na pesquisa genética e não devem, em seu entendimento, ser misturados. O gene-P é entendido como determinante de fenótipos ou diferenças fenotípicas, sem corresponder a uma sequência molecular específica no DNA. Trata-se de um conceito instrumental, que não implica uma hipótese sobre um correspondente material no DNA. É o caso, por exemplo, do “gene para cor de olhos azuis”, que, embora tenha papel explicativo, preditivo e heurístico na pesquisa genética, como podemos ver na análise de genealogias e heredogramas, não corresponde a uma única sequência de DNA, mas a uma série de sequências que, se mutadas, afetam a deposição de melanina na íris (SANTOS *et al.*, 2012; MEYER *et al.*, 2013). Não há, assim, um correspondente material do gene para cor dos olhos azuis que se possa supor que determina, nos sistemas biológicos, o fenótipo correspondente. Trata-se de um instrumento para lidar com alguns problemas em genética, apenas inferindo o genótipo a partir do fenótipo, assumindo determinismo para fins de simplificação.

Moss captura, também, a compreensão realista do papel dos genes nos sistemas vivos no conceito de gene-D, relacionado ao papel de sequências de DNA no desenvolvimento e funcionamento celular, como recursos em paridade causal com outros recursos, igualmente importantes para o desenvolvimento e a função celular (GRIFFITHS; KNIGHT, 1998). Ou seja, entendido de uma perspectiva realista, como no conceito de gene-D, logo, como uma entidade molecular, o gene não determina fenótipos ou diferenças fenotípicas. Estas resultam de processos complexos de desenvolvimento, que envolvem genes, mas também outros recursos desenvolvimentais.

Como argumenta Moss (2001, 2003), ambos os conceitos de gene são importantes, mas deve-se evitar misturá-los, uma vez que o uso da ideia de determinação, característica do conceito de gene-P, de caráter instrumental, em combinação com a visão realista proporcionada pelo conceito de gene-D, se traduz numa visão equivocada do papel dos genes no desenvolvimento e na

função celular<sup>11</sup>. Esta visão está associada a um discurso determinista genético que, muito presente nas sociedades contemporâneas, tem sérias consequências sociopolíticas e éticas, e, além disso, não contribui para a formação de cidadãos adequadamente informados sobre a natureza e o papel dos genes nos sistemas biológicos.

O determinismo genético não é um problema menor no ensino de genética e biologia celular e molecular, mas uma questão central, de grande alcance e relevância social. Apesar do conhecimento crescente sobre a complexidade dos sistemas genéticos e de suas interações com fatores epigenéticos e ambientais, crenças determinísticas genéticas ainda prevalecem entre os indivíduos (HUBBARD; WALD, 1993; NELKIN; LINDEE, 1995; DOUGHERTY, 2009; DAR-NIMROD; HEINE, 2011; REYDON et al., 2012; CASTÉRA; CLÉMENT, 2014; GERICKE; SMITH, 2014). As pessoas têm dificuldade de entender a ideia de que fatores genéticos e ambientais interagem (CONDIT et al., 2009; CONDIT, 2010; HURLE et al., 2013). Estudantes consideram difícil compreender os mecanismos de expressão gênica e como fatores ambientais interagem com genes (LEWIS; KATTMANN, 2004). Em estudos sobre como a mídia aborda a genética, a predominância de um discurso determinista também foi documentada (HUBBARD; WALD, 1993; NELKIN; LINDEE, 1995; CONRAD, 2001). O discurso público sobre genes está marcado por um determinismo genético que torna toda a complexidade social, histórica e moral dos seres humanos equivalentes aos seus genes (NELKIN; LINDEE, 1995, p. 2). Embora essas visões deterministas, ou essencialistas genéticas, como Nelkin e Lindee as denominam, não sejam somente um resultado de uma compreensão equivocada do conhecimento científico, ancorando-se em fenômenos sociais e crenças profundas, inclusive religiosas (PARROTT et al., 2004), o ensino de genética e biologia celular e molecular deveria contribuir para questionar tais visões, e não para reforçá-las. Afinal, tais visões deterministas contradizem o que se espera de uma compreensão apropriada do conhecimento

---

<sup>11</sup> Uma visão determinista equivocada segue, em termos mais gerais, da combinação do gene-P e de outros conceitos que comportam a ideia de determinação, como o conceito clássico, com qualquer interpretação molecular, que enfoque a ação proximal do gene, a exemplo do conceito molecular clássico.



atual sobre sistemas genéticos (e.g., HURLE et al., 2013; JIMÉNEZ-ALEIXANDRE, 2014).

O ensino de ciências não é provavelmente suficiente para a superação de visões deterministas genéticas na sociedade contemporânea, mas seria de se esperar que ele fizesse sua parte. Contudo, estudos sobre como a genética é ensinada nas escolas indicam que o modo predominante de ensino e os conteúdos dos livros didáticos encorajam o pensamento determinista entre os estudantes (DOUGHERTY, 2009; REDFIELD, 2012; REYDON et al., 2012; GERICKE et al., 2014; AIVELO, 2015). Há também evidência de que os estudantes, ao aprenderem e falarem sobre genética molecular, tendem a se apoiar em explicações mendelianas mais deterministas (DOUGHERTY, 2009; GERICKE et al., 2014; GERICKE; WAHLBERG, 2013). Além disso, foi mostrado que uma parte significativa de professores de escola primária e secundária (de Biologia e da língua pátria) de diferentes países exibe fortes crenças deterministas genéticas sobre alguns traços da personalidade humana (CASTÉRA; CLÉMENT, 2014). Como a maioria desses estudos foi feita no contexto da educação básica, um interesse adicional do presente estudo é que ele pode fornecer evidências sobre se o ensino ao nível universitário também tem estimulado os estudantes a pensarem de modo determinista.

O determinismo genético pode ter um impacto negativo sobre a compreensão das pessoas sobre saúde e doença (HUBBARD; WALD, 1993; PARROTT et al., 2004; DAR-NIMROD; HEINE, 2011; REYDON et al., 2012). Por exemplo, esta visão pode levar as pessoas a desvalorizarem o papel de fatores ambientais e experienciais em condições como doenças mentais, câncer, obesidade, diabetes, o que pode afetar negativamente sua prevenção, com impacto sobre a saúde pública (PARROTT et al., 2004).

Para um ensino que eduque estudantes capazes de se posicionar e agir com conhecimento e criticidade diante de questões que envolvem atitudes dependentes do conhecimento sobre genes e tecnologias gênicas, é necessário que o ensino de biologia celular e molecular seja baseado em explicações não deterministas, sendo essas explicações probabilísticas e causais que envolvem múltiplas causas em interação, e que produzem, por meio de processos

desenvolvimentais complexos, múltiplos efeitos alternativos (BURIAN; KAMPOURAKIS, 2013; JIMÉNEZ-ALEIXANDRE, 2014).

Podemos concluir, então, que o determinismo genético constitui uma ameaça ao conhecimento das pessoas sobre genética e saúde, com consequências sociopolíticas e éticas que têm merecido desde muito tempo atenção na literatura (e.g., LEWONTIN et al., 1984; HUBBARD; WALD, 1993; NELKIN; LINDEE, 1995).

Uma fonte importante do determinismo genético foi a manutenção da ideia do gene como unidade determinante de fenótipos numa interpretação cada vez mais realista e molecular do material genético. Desse modo, o gene, com entidade material, terminou por ser entendido como um determinante de fenótipos, ainda que essa propriedade tenha sido estabelecida de maneira instrumental, num período em que se inferia o genótipo a partir do fenótipo, em vez de se inferir o fenótipo a partir do genótipo, como se tornou comum com o estabelecimento da interpretação molecular.

Gerstein *et al.* (2007) discutem as mudanças em nossa compreensão acerca do conceito de gene decorrentes do projeto ENCODE. À luz de tais mudanças, eles definem gene como uma união de sequências genômicas que codifica um conjunto coerente de produtos funcionais potencialmente superpostos. Essa definição não atribui ao gene o caráter de uma unidade estrutural, enfocando os produtos gênicos, e, na medida em que não se assume uma relação unitária entre uma sequência codificante ao nível do DNA e um produto funcional, várias anomalias que desafiam o conceito molecular clássico podem ser acomodadas.

Scherrer e Jost (2007a,b) propõem uma definição para o conceito de gene que o situa no mRNA maduro (ou no RNA funcional, no caso de sequências de DNA que codificam rRNAs, tRNAs, microRNAs etc.). Para eles, o gene é “o trecho ininterrupto de ácido nucleico da sequência codificante no mRNA que corresponde a um polipeptídeo ou algum outro produto funcional” (SCHERRER; JOST, 2007b, p. 106). Esta definição aparece no âmbito de toda uma nova linguagem para falar de sistemas genéticos, desenvolvida com o intuito de distinguir dois aspectos envolvidos na produção de polipeptídios, a codificação

e a regulação. Para esses autores, o problema do conceito de gene reside na busca de se atribuir a um único termo uma diversidade muito grande de significados. Assim, uma análise conceitual seria necessária para resolver tal problema, propondo-se uma série de novos termos, que se mostrem capazes de estabelecer as distinções requeridas para que se tenha clareza sobre os dois aspectos mencionados acima. Na compreensão da expressão gênica, uma distinção central para eles é aquela entre função gênica e os mecanismos de armazenamento e expressão da informação genética. Eles restringem o significado do gene ao aspecto funcional e, assim, o identificam com a sequência de nucleotídeos que permitiria demarcar uma unidade funcional. Esta é a razão pela qual situam o gene não no DNA mas no mRNA maduro, onde tal unidade funcional pode ser identificada.

Outra proposta de uma nova linguagem para falar sobre sistemas genéticos é encontrada em Keller e Harel (2007). Neste trabalho, Keller retorna à proposta que fez em 2000 de substituição do termo “gene” por novas palavras. Keller e Harel propõem uma alternativa para o conceito de gene, na forma de toda uma nova linguagem, que eles consideram mais expansiva, flexível e rica em poder expressivo. Ela é baseada no conceito de um functor<sup>12</sup> genético  $G$ , definido como a tripla  $G = (O, D, B)$ , sendo  $O$ , um organismo de um tipo especificado (i.e., com propriedades genéticas e comportamentais específicas),  $D$ , um dene, e  $B$ , um bene. O dene é um enunciado sobre o DNA de  $O$  e o bene, um enunciado sobre o comportamento de  $O$ . Assim, o gene é substituído, nessa nova linguagem, por um conceito intimamente relacionado, mas situado num nível lógico inteiramente distinto, o dene. Como o termo “gene”, “dene” pretende capturar as bases da transmissão genética, mas, em contraste com “gene”, ele não denota meramente um trecho de DNA. Ao contrário, um “dene” é um tipo geral de enunciado sobre o DNA, que representa características muito mais complexas dessa molécula do que aquelas veiculadas pelo simples enunciado de que ele contém uma subsequência particular que é expressa.

---

<sup>12</sup> Um functor é um tipo de mapeamento entre categorias, que preserva a estrutura das categorias relacionadas, representando-as assim como homomórficas.

Nenhuma das propostas apresentadas nessa seção se tornou, até o momento, largamente aceita pela comunidade científica. O que podemos derivar, então, como hipóteses para o ensino de genética e biologia molecular a partir de uma revisão da história do conceito de gene até sua presente crise e as reações a ela? Primeiro, que a comunidade científica nunca trabalhou apenas com um conceito de gene, mas, em termos pragmáticos, atribui ao gene diferentes significados, ajustados aos seus objetivos e às suas práticas de pesquisa (ou seja, o gene tem sido, ao longo de sua história, um objeto epistêmico, como argumentou Rheinberger (2000). Segundo, que não há razão para que, no ensino de genética e biologia molecular, seja apresentado aos estudantes apenas um conceito de gene.

Um ponto aparentemente positivo, assim, é que, como mostraram estudos anteriores, há grande variação conceitual em torno do gene em livros didáticos de diferentes níveis de ensino. Contudo, esses estudos também encontraram um aspecto negativo de central importância, a ausência de uma demarcação clara e explícita entre significados distintos, o que tem grande potencial de levar os estudantes a confusões conceituais e favorecer visões equivocadas acerca do papel dos genes nos sistemas vivos, a exemplo do determinismo genético (e.g., Pitombo *et al.*, 2008a,b; Gericke *et al.*, 2014). Assim, terceiro, é importante que os estudantes aprendam acerca das distinções entre conceitos de gene e modelos de função gênica, o que será mais provável se o ensino acerca dos genes e de seus papéis nos sistemas vivos for informado histórica e epistemologicamente. Quarto, é importante que os estudantes aprendam acerca das dúvidas a respeito do que é um gene e das várias reações que propõem reinterpretções do significado do termo “gene”.

Parece-nos que essas quatro hipóteses se mostram pertinentes no ensino de genética e biologia molecular no ensino médio e no ensino superior, claro, com diferentes escolhas sobre os conteúdos a ensinar e diferentes meios de recontextualização pedagógica em cada caso.<sup>13</sup> Contudo, um primeiro passo

---

<sup>13</sup> Meyer *et al.* (2013), por exemplo, diferenciam níveis de escolaridade nos quais distintas ideias sobre genes poderiam ser recontextualizadas pedagogicamente.

para a investigação dessas hipóteses é compreender como o ensino sobre genes tem sido desenvolvido.

O aprendizado acerca dos diversos modelos de função gênica se faz necessário visto que, para explicar fenômenos e processos ou mecanismos que possam explicá-los ou prevêê-los, a comunidade científica constrói os modelos através de generalização, abstração e idealização como forma de representar estes fenômenos, processos ou mecanismos. Diferentes modelos foram aceitos pela comunidade científica ao longo da história da ciência, e, em certos casos, vários modelos representam, tanto diacrônica quanto sincronicamente, os mesmos fenômenos, processos ou mecanismos, são eles os “modelos históricos” (GERICKE *et al.*, 2014). Para a função gênica, existem alguns modelos históricos (como, por exemplo, o conceito clássico e bioquímico clássico) e coexistem diversos modelos de explicações, que são utilizados dependentemente dos variados contextos nos quais são necessários entendimentos acerca da função gênica (por exemplo: conceito mendeliano, conceito molecular clássico, conceito de gene-P, conceito de gene-D).

Investigar o conteúdo dos livros didáticos se faz importante no contexto escolar em vista do papel que eles tipicamente desempenham no ensino, inclusive na universidade. Em muitos casos eles são a única fonte de informação disponível tanto para os alunos quanto para professores (*e.g.*, BALL; FEIMANN-NEMSER, 1988; GAYÁN; GARCÍA, 1997; DELIZOICOV, ANGOTTI; PERNAMBUCO, 2002; NÚÑES *et al.*, 2003; HEYNEMAN, 2006; MEGID NETO; FRANCALANZA, 2003; TEIXEIRA; DO VALE, 2003; XAVIER *et al.*, 2006; BATISTA *et al.*, 2010). Os professores muitas vezes tomam decisões acerca da seleção e sequenciamento do conteúdo baseados nesse instrumento (NÚÑES *et al.*, 2003).

A aprendizagem dos alunos pode ser efetivamente influenciada por livros didáticos bem escritos (NÚÑES *et al.*, 2003; FRANZOLIN; BIZZO, 2007), o que explica a preocupação em investigar livros didáticos em diversos países (ver ABROUGUI; CLÉMENT, 1997; CHATTOPADHYAY, 2005; MARTÍNEZ-GRACIA *et al.*, 2005; DAWSON; SOAMES, 2006; CÁSTERA *et al.*, 2008). Uma análise de como os livros didáticos abordam os genes e suas funções permite

verificar quais conceitos de gene estão presentes no ensino de genética e biologia molecular, como a variação conceitual em torno do termo “gene” é abordada, e se a crise do conceito de gene e as reações a ela têm merecido atenção. Estes são objetivos do presente trabalho.

## CAPÍTULO 2: MATERIAIS E MÉTODOS

Escolhemos livros didáticos de Biologia Celular e Molecular do ensino superior para compor nosso *corpus* de análise pelo papel que cumprem na aprendizagem sobre genes de uma série de profissionais da área de ciências biológicas e saúde, incluindo tanto futuros cientistas, quanto outros profissionais em formação, a exemplo de professores, médicos, enfermeiros, nutricionistas etc. Assim, eles permitem que a análise realizada tenha um alcance maior do que, por exemplo, uma análise de livros didáticos de genética, disciplina menos comum nos currículos de tais cursos.

Os livros foram selecionados a partir de levantamento de ementas de disciplinas de Biologia Celular e Molecular do ensino superior, usando a ferramenta de buscas Google®. Foram feitas buscas com palavras-chave em inglês (*Syllabus* + “*Cell and Molecular Biology*”), português (*Ementas* + “*Biologia Celular e Molecular*”) e espanhol (“*Contenidos de las asignaturas*” + “*Biología Celular y Molecular*”), sendo levantados os livros incluídos em 100 ementas em inglês, 100 ementas em português e 50 ementas em espanhol<sup>14</sup>. A amostra foi obtida com acesso às primeiras páginas disponibilizadas pelo Google®, ordenadas por número de acessos, até completar o número de ementas estabelecidas por língua.

Os livros foram analisados na sua língua original, mesmo nos casos em que era recomendada na ementa a leitura da versão traduzida. Além disso, examinamos as últimas edições dos livros, que deviam, além disso, ser posteriores a 2006, para situar o estudo na segunda metade da década de 2000, após a ampliação dos debates sobre o conceito de gene na comunidade científica, quando poderia haver algum possível efeito sobre os livros didáticos dessas discussões sobre este conceito.

---

<sup>14</sup> Em estudos anteriores, verificamos que as ementas em língua espanhola aparecem em menor quantidade entre os resultados da busca do que ementas em inglês e português. Por isso, a busca em espanhol foi realizada até atingir 50 ementas.

Foram encontrados nas 250 ementas levantadas, 37 livros de Biologia Celular e Molecular indicados para uso nas disciplinas. Foram escolhidos para compor o *corpus* de análise os 5 livros mais indicados pelas ementas das disciplinas (13,5 % dos livros levantados). Embora esse percentual possa, à primeira vista, parecer pequeno, se considerarmos não mais a quantidade de livros incluídos nas ementas, mas a frequência na qual os livros foram propostos para uso nos cursos, nosso corpus contém livros que responderam por 363 de um total de 499 menções de livros (72,74%).



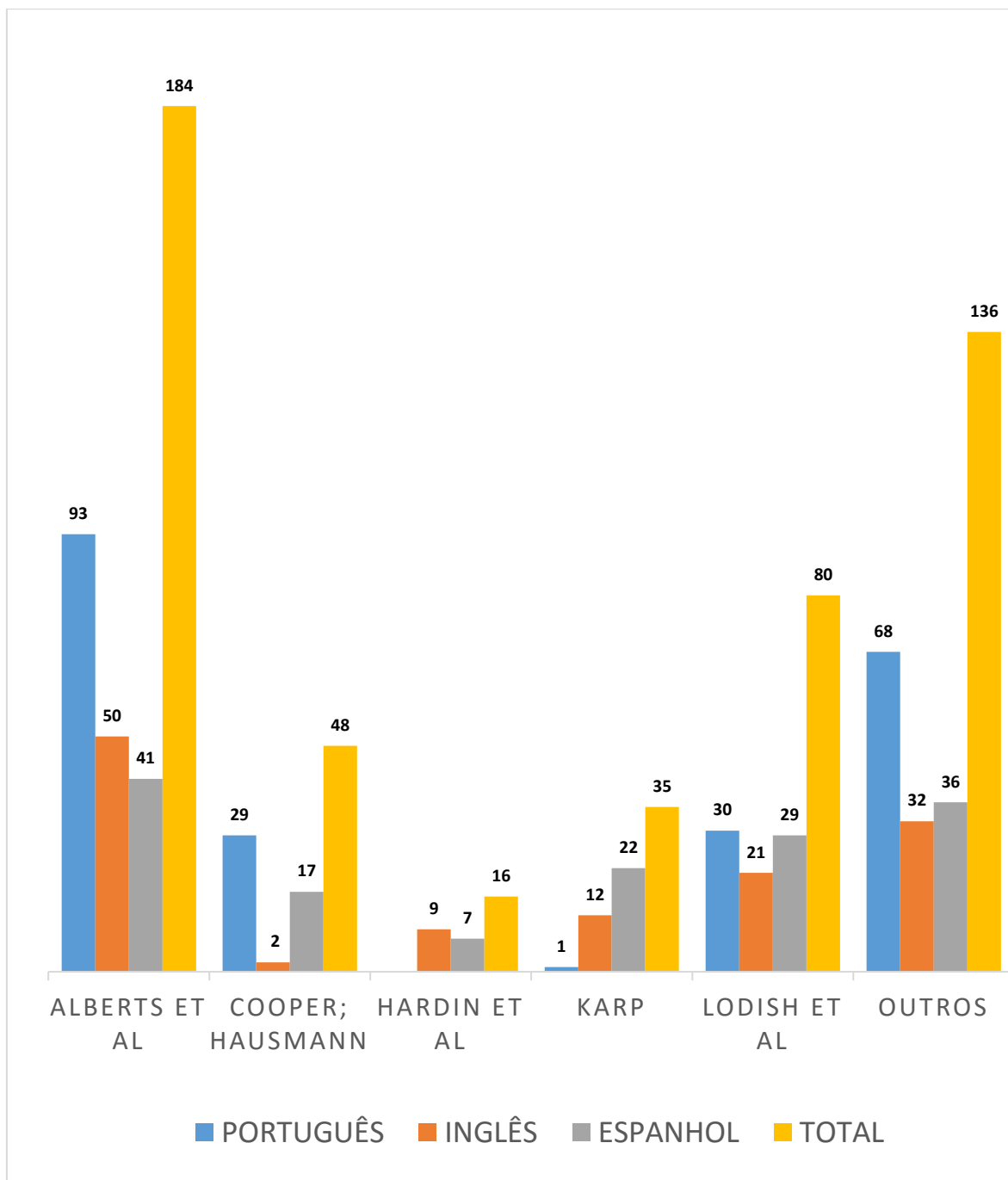


Figura 4: Livros didáticos indicados nas ementas de disciplinas de biologia celular e molecular.

Os livros selecionados para análise, em ordem decrescente de frequência nas ementas (Figura 4), são os seguintes:

- (i) *Molecular Biology of the Cell*, escrito por Alberts *et al.*, 5ª edição, 2008<sup>15</sup>, 1392 páginas. Indicado em 184 ementas;
- (ii) *Molecular Cell Biology*, escrito por Lodish *et al.*, 7ª edição, 2013, 1154 páginas. Indicado em 80 ementas;
- (iii) *The Cell: A Molecular Approach*, escrito por Cooper e Hausmann, 6ª edição, 2013, 832 páginas. Indicado em 48 ementas;
- (iv) *Cell and Molecular Biology*, escrito por Karp, 7ª edição, 2013, 864 páginas. Indicado em 35 ementas.
- (v) *Becker's World of the Cell*, escrito por Hardin *et al.*, 8a. edição, 2012, 912 páginas. Indicado em 16 ementas.<sup>16</sup>

De posse dos livros didáticos, foi feita uma primeira leitura exploratória, com o intuito de familiarizar-se com os livros e planejar a análise categórica. Esta análise exploratória forneceu uma primeira impressão sobre os conceitos de gene e ideias sobre função gênica presentes nos livros. Em seguida, o livro didático foi submetido, como um todo, a uma análise categórica do conteúdo (BARDIN, 2000), desmembrando-se o texto em unidades de registro, que correspondiam aos dados brutos a serem analisados, e posteriormente reunindo-se essas unidades em categorias construídas por meio de reagrupamentos analógicos de trechos que compartilhavam características identificadas por meio de critérios semânticos, i.e., pela presença de um mesmo significado, e não por critérios sintáticos, relativos a palavras ou sentenças específicas.

As unidades de registro variaram de uma afirmação única a um parágrafo inteiro. Como analisamos livros indicados tanto para disciplinas

---

<sup>15</sup> Até o início das nossas análises, esta era a última edição lançada deste livro, porém, em novembro de 2014 os autores lançaram uma nova edição, mas já havíamos a esta altura analisado a edição de 2008.

<sup>16</sup> Nos trabalhos de Pitombo *et al.* (2008a,b), quatro dos livros listados foram encontrados com maior frequência em ementas buscadas com palavras-chave em inglês, português, espanhol e francês. Somente o livro de Cooper e Hausmann não apareceu naquele levantamento.

introdutórias quanto para disciplinas avançadas de biologia celular e molecular, houve uma diferença considerável no número de páginas, que se refletiu no número de unidades de registro identificadas em cada livro (ver Tabela 3). As unidades de registro foram situadas em segmentos maiores de texto, que forneceram um contexto para sua interpretação (sendo, assim, denominadas unidades de contexto).

As unidades de contexto usadas incluíram campos de investigação da Genética e Biologia Celular e Molecular, nos quais diferentes significados usualmente são atribuídos ao conceito de gene (STOTZ *et al.*, 2004), além de alguns tipos específicos de seções de livros didáticos:

- (i) Genética clássica;
- (ii) Genética do desenvolvimento;
- (iii) Genética evolutiva e de populações;
- (iv) Genética de microrganismos;
- (v) Genética de eucariotos;
- (vi) Genética médica;
- (vii) Biologia/genética molecular;
- (viii) Biologia celular;
- (ix) Bioquímica;
- (x) Sinalização celular;
- (xi) Engenharia genética;
- (xii) Genômica;
- (xiii) Introdução;
- (xiv) Glossário;
- (xv) História da ciência.

As unidades de registro foram transcritas dos livros didáticos e, em seguida, foram categorizadas segundo o conceito de gene abordado e a função

atribuída ao gene. Em ambos os casos, as categorias foram obtidas combinando-se achados indutivos, oriundos da análise das unidades de registro, e o aporte teórico da literatura histórica e filosófica sobre o conceito de gene.

As categorias relativas aos conceitos de gene são apresentadas na Tabela 2.

Conceito de gene	Breve definição
Conceito mendeliano	Gene como unidade de herança, responsável pela transmissão e determinação de caracteres.
Conceito clássico	Gene como partícula real e indivisível, localizada no cromossomo, responsável pela determinação de características fenotípicas.
Conceito bioquímico-clássico	Gene como unidade responsável pela produção de uma enzima.
Conceito molecular clássico	Gene como unidade estrutural e funcional no DNA, correspondendo a uma sequência contínua de bases, que codifica um único produto funcional (polipeptídeo ou RNA).
Concepção informacional	Gene como unidade informacional no DNA, portador de uma mensagem única e específica no DNA.
Conceito de gene-P	Gene como determinante de fenótipos ou diferenças fenotípicas, sem corresponder a uma sequência específica no DNA.
Conceito de gene-D	Gene como sequência de DNA utilizada como recurso, em paridade causal com outros recursos, para o desenvolvimento e funcionamento celular, sem determinar fenótipos ou diferenças fenotípicas específicas.
Outros	Nesta opção classificamos, de acordo com análise indutiva, aquelas unidades de registro que não se encaixam em nenhum dos conceitos anteriores e não têm frequência suficiente para formarem novas categorias de conceito de gene.

Tabela 2: Categorias relativas ao conceito de gene utilizadas no presente estudo.

As seguintes categorias relativas às funções atribuídas aos genes foram utilizadas:

- (i) Transmitir caracteres hereditários;
- (ii) Codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs;
- (iii) Programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento;
- (iv) Causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica;
- (v) Propiciar recurso para o desenvolvimento;
- (vi) Controlar metabolismo celular;
- (vii) Servir como unidade de seleção;
- (viii) Outras<sup>17</sup>.

Como estratégia metodológica para aumentar a confiabilidade do estudo, a análise categórica foi realizada independentemente por duas pesquisadoras, sendo uma delas a mestranda e a outra, uma pesquisadora com experiência na realização do mesmo tipo de estudo (Vanessa Carvalho dos Santos). A partir dos resultados da categorização, foi calculada a taxa de concordância entre as avaliadoras independentes, mostradas na Tabela 3. As taxas de concordância entre os avaliadores foram altas em todos os livros (variando de 83,15% a 89,41%), mostrando a consistência da categorização, no que diz respeito à repetibilidade dos procedimentos analíticos e de seus resultados, o que indica a confiabilidade destes últimos.

Após o cálculo da concordância entre as avaliações independentes, as pesquisadoras se reuniram para discutir sobre as marcações discordantes e tentar chegar a um consenso na categorização dessas unidades de registro. Os resultados apresentados incluem somente as unidades de registro nas quais

---

<sup>17</sup> Assim como ocorrido na categorização do conceito de gene, nesta opção de funções atribuídas ao gene classificamos (também oriundos de análise indutiva) aquelas unidades de registro que não se encaixam em nenhuma das funções propostas anteriormente e não têm frequência suficiente para formarem novas categorias de função atribuída ao gene.

houve consenso na categorização, 95,63% do total de unidades de registro encontradas.

Livro didático	Número de unidades de registro	Taxa de concordância
<i>Becker's World of the Cell</i> (HARDIN et al., 2012, 912 páginas)	723	89,41%
<i>Molecular Biology of the Cell</i> (ALBERTS et al., 2008, 1392 páginas)	1314	86,52%
<i>Molecular Cell Biology</i> , (LODISH et al., 2013, 1154 páginas)	1196	83,15%
<i>Cell and Molecular Biology</i> , (KARP, 2013, 864 páginas)	680	85,75%
<i>The Cell: A Molecular Approach</i> , (COOPER; HAUSMANN, 2013, 832 páginas)	632	87,99%

Tabela 3: Taxa de concordância entre as categorizações independentes das unidades de registro de cada livro didático.

A frequência de sobreposição de diferentes conceitos de gene ou ideias sobre função gênica nas unidades de registro foi calculada como o percentual de unidades em que um dado conceito ou função gênica X, com menor frequência de ocorrência, foi encontrado em conjunto com um dado conceito ou função Y., com maior frequência de ocorrência. Por exemplo, em Hardin et al. (2012), das 143 unidades de registro em que o gene-P foi encontrado, 101 continham também o conceito molecular clássico. Assim, a sobreposição de gene-P e molecular clássico nesse livro foi de 70%. Calculamos somente a sobreposição das categorias de menor frequência sobre as de maior frequência porque pretendíamos analisar como diferentes ideias se combinavam às ideias dominantes no texto.

Realizamos uma busca simples na versão eletrônica dos livros didáticos, exceto pelo livro Cooper; Hausmann (2013), e uma busca nos índices remissivos dos cinco livros didáticos pelas palavras: (i) modelos, (ii) herdabilidade, (iii) genética quantitativa, (iv) gêmeos, (v) adotados, (vi) Genomic-wide (vii) GWAS. Nosso interesse no primeiro termo foi entender se os autores traziam uma discussão de modelos a fim elucidar a professores e alunos que os conceitos de gene e ideias de função gênica pertencem e se limitam à determinados contextos históricos, com diferentes papéis epistêmicos.

As seis últimas palavras são importantes pois elas dizem respeito à estudos de genética quantitativa, sobretudo ao *Genome-wide association studies* (GWAS), um ramo da genética que relaciona a variação genotípica com alguns traços fenotípicos a nível populacional e a estimativa de herdabilidade desses traços. Esses estudos geralmente são feitos com gêmeos adotados, o que justifica os termos “gêmeos” e “adotados”. Entender o aparecimento desse campo de pesquisas genéticas se faz necessário diante da importância de correlacionar genes e fenótipos.

## CAPÍTULO 3: RESULTADOS

### Becker's World of the Cell

O livro *Becker's World of the Cell* (HARDIN *et al.*, 2012) não teve ocorrência nas ementas em português, mas foi o quinto livro didático mais frequente nas ementas levantadas, aparecendo em 9 ementas na língua inglesa e 7 ementas na língua espanhola. Este livro é usado em disciplinas introdutórias de Biologia Celular e Molecular, voltadas para estudantes ingressantes no ensino superior, que estão preparando-se para cursar Ciências Biológicas, Medicina ou áreas afins, ou para estudantes de outras áreas em busca de formação acerca destes campos científicos<sup>18</sup>. Ele se diferencia, pois, dos demais livros que constituem o *corpus* de análise, que são dirigidos a disciplinas mais avançadas de Biologia Celular e Molecular. Sintomaticamente, é um livro de menor tamanho do que estes últimos, com 912 páginas.

Neste livro, foi analisado um total de 723 unidades de registro, divididas entre dez unidades de contexto encontradas (Figura 5). Há uma predominância de unidades de registro tratando de genes nas unidades de contexto “genética de eucariotos” e “genética médica”, com 21% e 19% do total das unidades, respectivamente, seguidos por “biologia/genética molecular”, com 15%, e “genética de microrganismos”, com 10%. Entre estas unidades de registro, 11% foram encontradas no glossário. Estas unidades merecem especial atenção, na medida em que, num glossário, os autores dos livros didáticos se dedicam a propor definições dos termos conceituais que esperam que seus leitores usem na interpretação dos vários trechos dos mesmos.

---

<sup>18</sup> Ver:

[http://books.google.com.br/books/about/Becker\\_s\\_World\\_of\\_the\\_Cell.html?id=DWOzcQAACAAJ&redir\\_esc=y](http://books.google.com.br/books/about/Becker_s_World_of_the_Cell.html?id=DWOzcQAACAAJ&redir_esc=y). Acesso em: 1 out 2015.

<http://www.pearsonhighered.com/educator/product/Beckers-World-of-the-Cell-8E/9780321716026.page>. Acesso em: 1 out 2015.



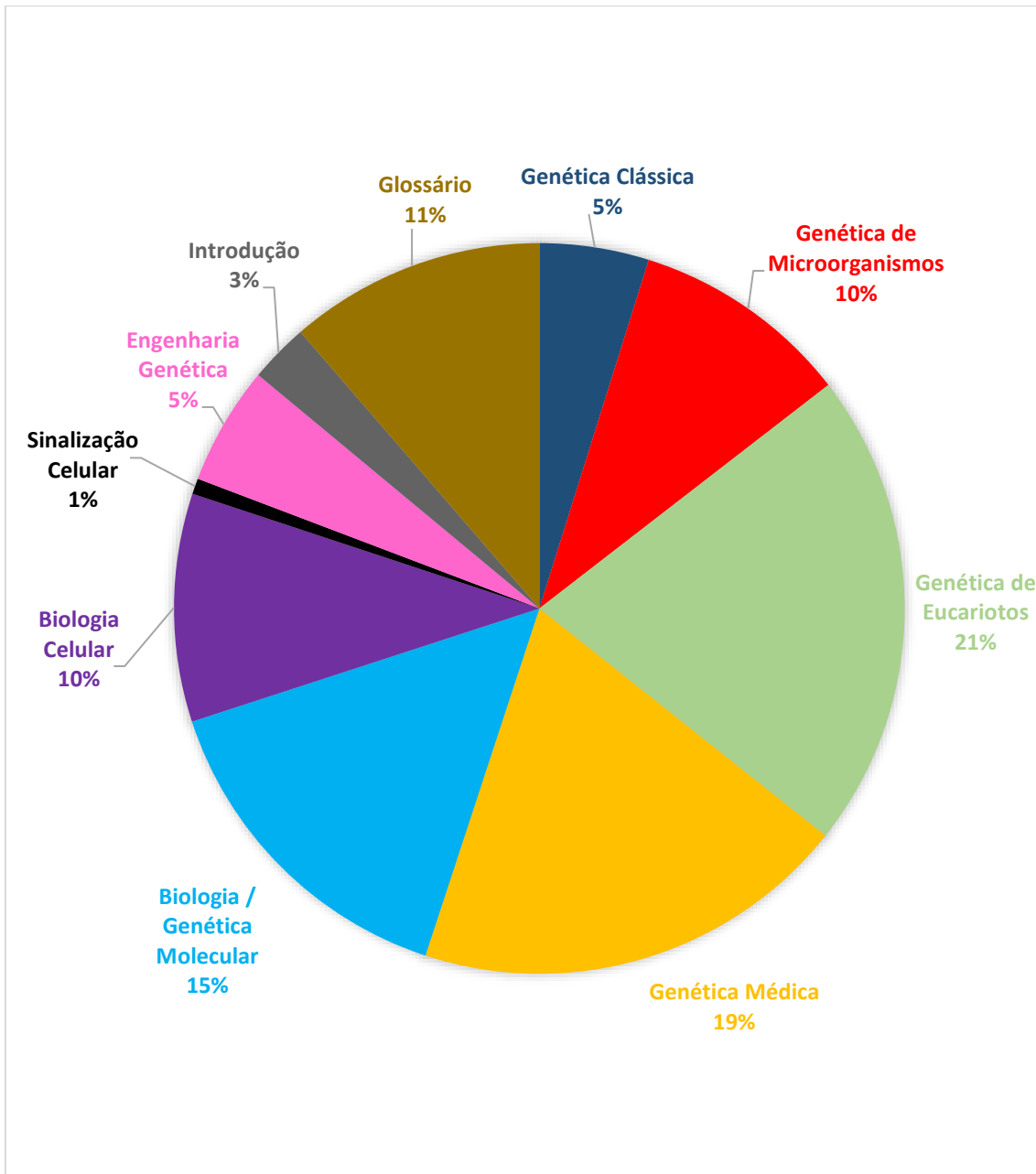


Figura 5: Distribuição das unidades de registro por unidade de contexto no livro *Becker's World of the Cell* (HARDIN *et al.*, 2012).

A Figura 6 mostra os resultados relativos à frequência das categorias de conceitos de gene no livro. Podemos observar a alta incidência do conceito molecular clássico, encontrado em 603 unidades de registro, o que corresponde a 70% do total de unidades categorizadas. Em segundo lugar, temos o gene-P, com 143 unidades de registro (correspondente a 16% das ocorrências). Não encontramos ocorrências de gene-D, conceito diferenciado por Moss (2003) em relação ao gene-P.

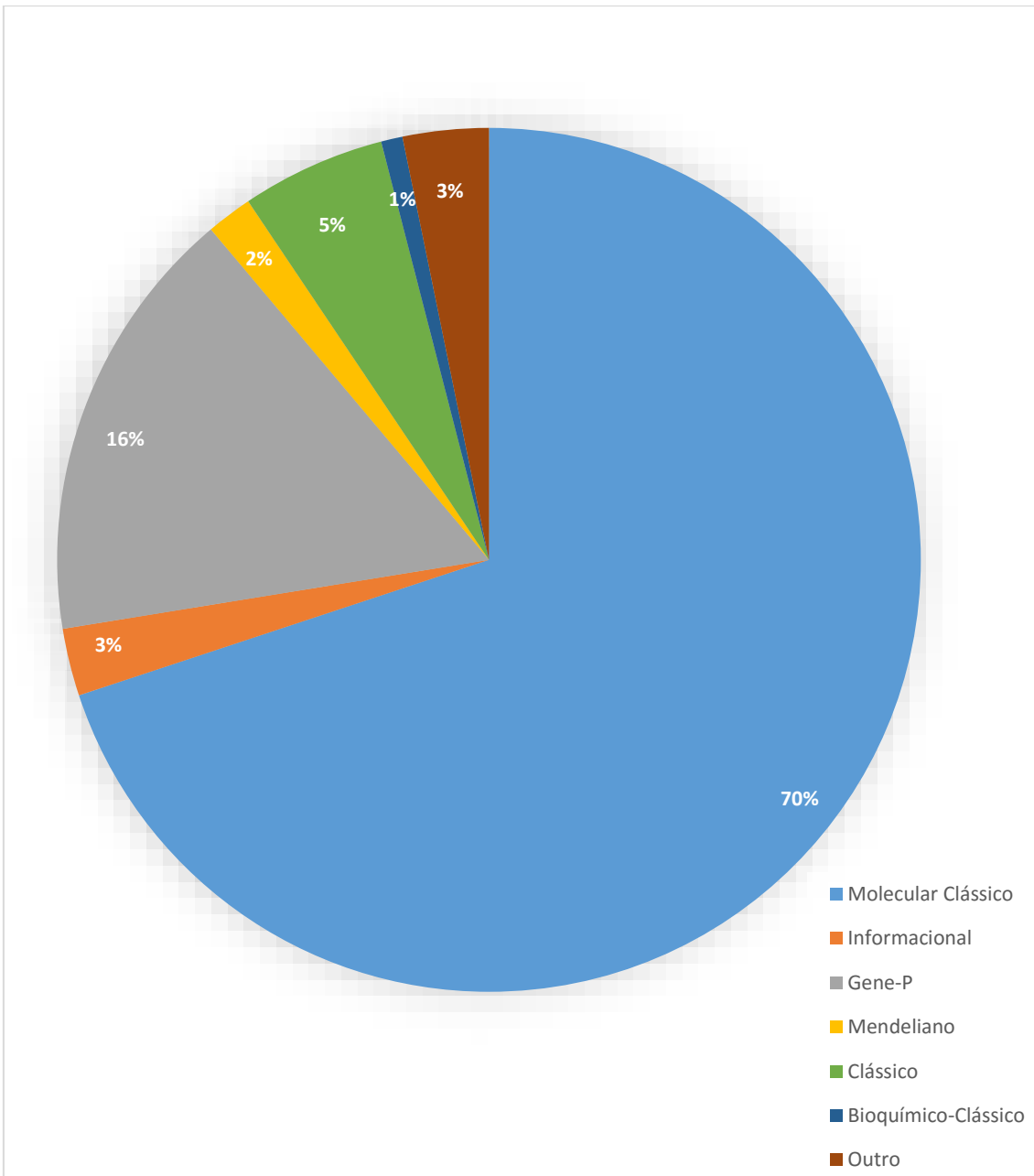


Figura 6: Frequência das categorias de conceito de gene no livro *Becker's World of the Cell* (HARDIN *et al.*, 2012).

A Tabela 4 apresenta a ocorrência das unidades de registro, categorizadas de acordo com o conceito de gene, em cada unidade de contexto, seguida da figura 7 que apresenta a frequência dessas ocorrências.

CONCEITOS CONTEXTOS	Molecular Clássico	Informacional	Gene-P	Gene-D	Mendeliano	Clássico	Bioquímico-Clássico	Outro
Genética Clássica	5	0	6	0	8	27	0	0
Genética de Microorganismos	67	0	1	0	0	5	0	0
Genética de Eucariotos	145	2	5	0	0	1	0	5
Genética Médica	120	1	81	0	0	0	0	2
Biologia / Genética Molecular	96	7	10	0	0	2	5	3
Biologia Celular	62	8	10	0	3	0	1	4
Sinalização Celular	5	0	2	0	0	0	0	0
Engenharia Genética	29	0	17	0	0	0	0	2
Introdução	11	2	0	0	3	1	1	0
Glossário	63	2	11	0	1	11	0	8
TOTAIS	603	22	143	0	15	47	7	24

Tabela 4: Ocorrência das unidades de registro do conceito de gene por unidade de contexto no livro *Becker's World of the Cell*. (HARDIN *et al.*, 2012).

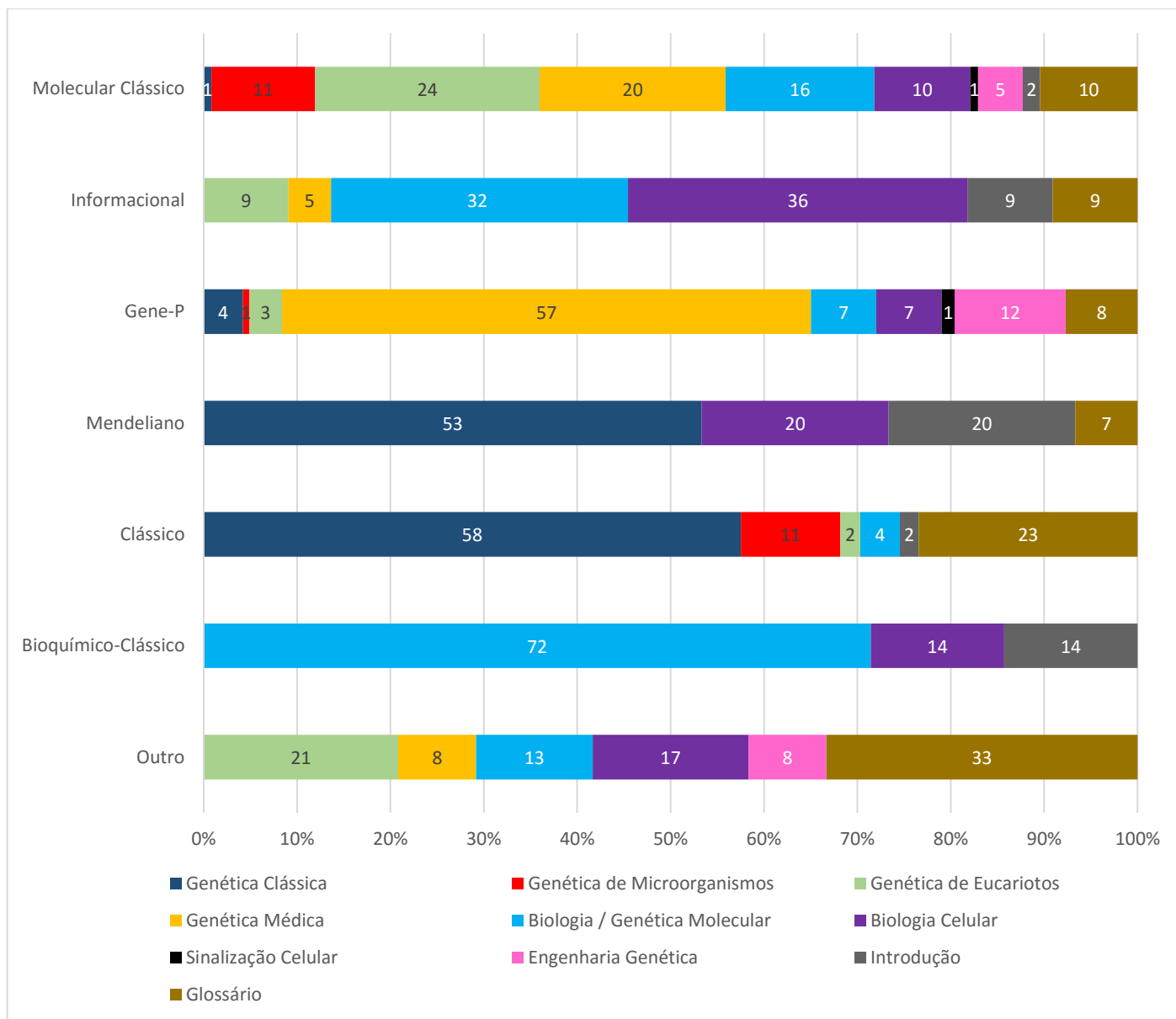


Figura 7: Frequência das categorias de conceitos de gene por unidade de contexto no livro *Becker's World of the Cell* (HARDIN *et al.*, 2012).

O conceito bioquímico-clássico aparece apenas em 7 unidades de registro (1% do total das unidades), sendo 5 delas encontradas no contexto “biologia/genética molecular”, uma unidade presente no contexto “biologia celular” e uma unidade no contexto “introdução”.

O conceito clássico aparece em 47 unidades de registro (5% do total das unidades no livro didático) e está mais relacionado, como esperado, ao contexto “genética clássica” (58% de suas ocorrências), dado que é um conceito historicamente vinculado à teoria cromossômica da herança e, assim, ao período

em que a genética clássica se desenvolveu. O trecho abaixo traz um exemplo do uso do conceito clássico, situado no contexto “genética clássica”:

A teoria cromossômica da herança afirma que as características dos organismos transmitidas de geração a geração **resultam da herança de cromossomos carregando unidades físicas discretas** conhecidas como genes. (HARDIN *et al.*, 2012, p. 14, **grifo nosso**)<sup>19</sup>

Esse conceito também foi frequente no “glossário” (11 unidades de registro, 23% de suas ocorrências), o que sugere que não tem no livro papel meramente histórico, mas também se espera que ele cumpra um papel na significação que o leitor deve dar ao conceito de gene. Possivelmente, isso está relacionado à importância dada ao conceito de unidade na interpretação do que é um gene.

As 15 unidades de registro (2% do total de unidades no livro didático) que apresentam o conceito mendeliano aparecem nos contextos “genética clássica” (8 unidades, 53%), “introdução” (3 unidades, 20%), “biologia celular” (3 unidades, 20%). Essas ocorrências dizem respeito a trechos do livro que enfocam herança e não é surpreendente o predomínio no contexto “genética clássica”, na qual o foco sobre o gene como unidade de herança era particularmente marcante (em contraste com uma atenção crescente dada à ideia do gene como unidade de função ao longo do século XX). O seguinte trecho exemplifica a ocorrência do conceito mendeliano no livro, sendo encontrado no contexto “biologia celular”:

Esses estudos levaram Mendel a concluir que a informação **hereditária é transmitida na forma de unidades distintas** que

---

<sup>19</sup> No original: The chromosome theory of heredity states that the characteristics of organisms passed down from generation to generation result from the inheritance of chromosomes carrying discrete physical units known as genes. Todas as traduções ao longo do texto foram feitas pela autora e pelo orientador do trabalho.

hoje chamamos genes. (HARDIN *et al.*, 2012, p. 505, **grifo nosso**)<sup>20</sup>

O conceito de gene-P, que foi identificado em 143 unidades de registro (16% do total de unidades no livro), foi bem mais frequente no contexto “genética médica”, com 81 unidades (57%), seguido pelos contextos “engenharia genética” (17 unidades, 12%) e “glossário” (11 unidades, 8%). Trata-se, além disso, de um conceito que apareceu em todas as unidades de contexto, exceto na “introdução”. A maior frequência nas seções em que o livro trata de genética médica decorre da referência bastante comum, nesse contexto, a genes “para traços”, identificando genes associados a traços com base na simplificação da relação entre a contribuição genética e a presença do fenótipo, por meio do apelo à ideia de determinação genética. O trecho abaixo, extraído do contexto “sinalização celular”, oferece um exemplo:

Mutações negativas dominantes podem afetar drasticamente o crescimento e desenvolvimento em vertebrados. Por exemplo, quando FGFRs negativos dominantes manipulados geneticamente são expressos em embriões de sapos, os embriões falham no desenvolvimento dos tecidos do tronco e da cauda, resultando em "girinos" com cabeça, mas sem corpos! **Em humanos, mutações dominantes na porção transmembrana do gene FGFR-3 resultam na forma mais comum de nanismo, conhecida como acondroplasia.** (HARDIN *et al.*, 2012, p. 413, **grifo nosso**)<sup>21</sup>

---

<sup>20</sup> No original: These studies led Mendel to conclude that hereditary information is transmitted in the form of distinct units that we now call genes. Não é objetivo do presente trabalho analisar possíveis equívocos dos livros didáticos, mas vale a pena, nesse caso, comentar que há nesse trecho um compromisso com uma interpretação anacrônica do trabalho de Mendel, atribuindo a ele uma interpretação, baseada na ideia de genes como unidades de herança, que somente emergiu com clareza a partir da reinterpretação de seus achados no começo do século XX, após a redescoberta de seu trabalho. A este respeito, ver, por exemplo, Kampourakis (2013) e El-Hani (2015).

<sup>21</sup> No original: Dominant negative mutations can dramatically affect growth and development in vertebrates. For example, when genetically engineered dominant

Como discutimos anteriormente, essa visão distal do gene, a partir do fenótipo, tem papel importante na pesquisa genética, sendo empregada em atividades comuns no campo da genética médica. É, sobretudo, a mistura indiscriminada de atributos desse modo de entender genes com uma interpretação molecular transpõe a ideia de determinação genética para além dos limites da simplificação da relação genótipo-fenótipo em atividades específicas da pesquisa genética, como vemos no caso do conceito de gene-P, combinando-a com uma visão proximal da ação gênica na qual ela não é válida. Esta é uma fonte importante do determinismo genético que tem marcado o discurso sobre genes na sociedade. Retornaremos mais adiante à frequência de sobreposição, no livro em análise, entre uma interpretação determinista baseada no gene-P e uma interpretação molecular do gene.

Note-se, além disso, que o alcance no livro do conceito de gene-P e, por extensão, da ideia de determinação de fenótipos por genes se torna evidente em sua presença em todas as unidades de contexto (exceto “introdução”), bem como no “glossário”. Uma das ideias centrais sobre genes que estudantes e professores derivam do uso desse livro é a de que eles determinam fenótipos.

A concepção informacional, encontrada em 3% das unidades de registro (22 unidades), esteve mais relacionada às unidades de contexto “biologia celular” (8 unidades, 36%) e “biologia/genética molecular” (7 unidades, 32%). Podemos observar, no seguinte trecho retirado do contexto “biologia/genética molecular”, que o que é um gene é explicado com base na concepção informacional e no conceito molecular clássico, que são intimamente relacionados, já que se tratam de modos de entender o gene característicos do modelo molecular-informacional de função gênica (ver SANTOS *et al.*, 2012):

---

negative FGFRs are expressed in frog embryos, the embryos fail to develop tissues in the trunk and tail, resulting in “tadpoles” with heads but no bodies! In humans, dominant mutations in the transmembrane portion of the FGFR-3 gene result in the most common form of dwarfism, known as achondroplasia.

Cada gene é uma sequência específica de DNA que **contém a informação** para dirigir a síntese de uma proteína celular. (HARDIN *et al.*, 2012, p. 14, **grifo nosso**)<sup>22</sup>

O conceito molecular clássico, por fim, foi identificado em 603 unidades de contexto (70% das unidades no livro). Ele está presente em todas as unidades de contexto, de modo bem distribuído, sendo o conceito mais utilizado em nove das dez unidades de contexto. Ele foi encontrado com a seguinte frequência nos vários contextos, em ordem decrescente: “genética de eucariotos” (145 unidades de registro, 24%), “genética médica” (120 unidades de registro, 20%), “biologia/genética molecular” (96 unidades de registro, 16%), “genética de microrganismos” (67 unidades de registro, 11%), “glossário” (63 unidades de registro, 10%) e “biologia celular” (62 unidades de registro, 10%).

O seguinte trecho oferece um exemplo do conceito molecular clássico, presente na unidade de contexto “genética de eucariotos”:

O **gene que codifica a cadeia pesada** tem dois sítios alternativos poli(A) nos quais o RNA pode terminar, resultando em dois tipos de moléculas de pré-mRNA que diferem em suas extremidades 3'. (HARDIN *et al.*, 2012, p. 745, **grifo nosso**)<sup>23</sup>

Na medida em que o conceito molecular clássico permeia todo o livro didático, uma interpretação molecular do gene é uma ideia central que estudantes e professores muito provavelmente derivarão de seu uso, inclusive porque o conceito de gene é definido com base nesse conceito e na concepção informacional (ver acima). Tal interpretação molecular não é em si problemática. Contudo, o compromisso com a ideia do gene como unidade de estrutura, função

---

<sup>22</sup> No original: Each gene is a specific sequence of DNA that contains the information to direct the synthesis of one cellular protein.

<sup>23</sup> No original: The gene coding for the heavy chain has two alternative poly(A) sites where RNA transcripts can terminate, yielding two kinds of premRNA molecules that differ at their 3' ends. Note-se que esse trecho se refere a um fenômeno que traz dificuldades para o conceito molecular clássico, na medida em que rompe com a relação unitária entre gene e produto gênico. Retornaremos mais adiante ao modo como são abordadas no livro fenômenos que desafiam o conceito molecular clássico.



e informação no genoma, veiculada pelo conceito molecular clássico, se mostra inconsistente, como já discutimos, com o conhecimento atual sobre sistemas genéticos, no qual temos vários fenômenos que se afastam de uma relação unitária entre genes e produtos funcionais. Este compromisso com a ideia de unidade genética está presente no livro, como ilustra a seguinte passagem, extraída do contexto “biologia/genética molecular”:

Genes são melhor definidos como **unidades funcionais do DNA que codificam a sequência de aminoácidos de uma ou mais cadeias polipeptídicas** ou, alternativamente, um ou vários tipos de RNA que realizam funções outras que não a especificação da sequência de aminoácidos de cadeias polipeptídicas (HARDIN *et al.*, 2012, p. 650. **grifo nosso**)<sup>24</sup>

O problema da referência à ideia de gene como unidade se torna ainda mais notável pelo fato de que o livro aborda vários dos fenômenos que a colocam em xeque, a exemplo do *splicing* alternativo, edição de mRNA, formação de anticorpos por rearranjo genômico etc. Contudo, as implicações desses fenômenos para a ideia de unidade e, conseqüentemente, para o conceito molecular clássico não são discutidas. Desse modo, cria-se uma contradição interna no livro, a qual não é levada em consideração por não haver um aprofundamento da discussão conceitual sobre genes, para além da descrição de tais fenômenos como achados empíricos. O livro em análise não apresenta, pois, um reconhecimento da crise do conceito de gene e, conseqüentemente, não discute quaisquer reações aos problemas enfrentados por esse conceito.

A Figura 8 mostra a frequência de sobreposições de conceitos de gene na mesma unidade de registro no livro didático.

Em 77% das unidades em que a concepção informacional foi identificada, ela estava associada ao conceito molecular clássico, o que é

---

<sup>24</sup> No original: Genes are best defined as functional units of DNA that code for the amino acid sequence of one or more polypeptide chains or, alternatively, for one of several types of RNA that perform functions other than specifying the amino acid sequence of polypeptide chains.

esperado, dado que são dois aspectos conceituais do mesmo modelo, como comentado acima. Abaixo, temos outro exemplo da ocorrência associada destas duas interpretações do gene, encontrado no contexto “biologia celular”:

A **sequência de bases nucleotídicas num segmento particular de DNA** conhecida como gene determina a sequência de aminoácidos na proteína codificada por aquele gene. O DNA é o **portador da informação genética** numa célula, enquanto o mRNA, tRNA e rRNA funcionam principalmente na expressão da informação no DNA, por seu envolvimento na síntese proteica (HARDIN et al., 2012, p.71, **grifo nosso**)<sup>25</sup>.

---

<sup>25</sup> No original: For many mammalian genes, an even larger fraction of the gene consists of introns. An extreme example is the human dystrophin gene, a mutant form of which causes Duchenne muscular dystrophy. This gene is over 2 million bp long and has 85 introns, representing more than 99% of the gene’s DNA!

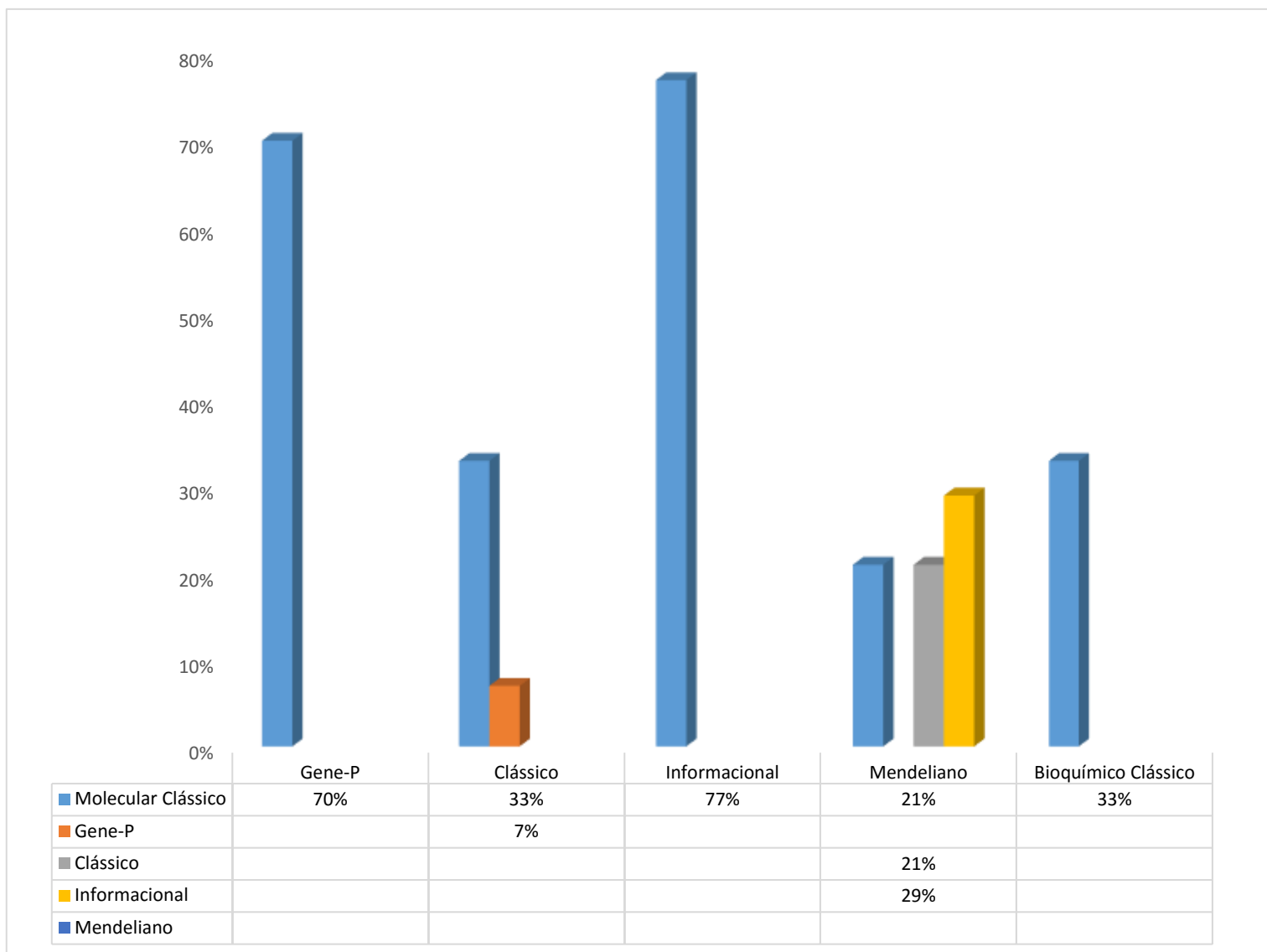


Figura 8: Frequência de sobreposições de conceitos de gene no livro *Becker's World of the Cell* (HARDIN *et al.*, 2012).

Outra importante superposição foi encontrada entre o conceito de gene-P e o conceito molecular, sendo que, em 70% das vezes em que o gene-P apareceu, estava associado ao conceito molecular clássico. O trecho abaixo, encontrado no contexto “genética médica”, fornece um exemplo:

Para muitos genes de mamíferos, uma fração ainda maior do gene consiste de íntrons. Um exemplo extremo é o **gene da distrofia humana, uma forma mutante que causa a distrofia muscular de Duchenne**. Esse gene tem mais de 2 milhões de pares de bases de comprimento e tem 85 íntrons, representando

mais de 99% do DNA do gene. (HARDIN et al., 2012, p. 670, **grifo nosso**)<sup>26</sup>.

Como discutido acima, desse modo são combinadas as ideias de determinação do fenótipo pelo genótipo, característica do gene-P, que propicia uma visão distal do gene, a partir do fenótipo, com uma visão molecular, proximal do gene e de sua ação nos sistemas vivos, na qual a ideia de determinação não se aplica. Em última análise, essa sobreposição também é decorrência da falta de uma abordagem sobre modelos de função gênica e conceitos de gene associados, o que permite tal mistura de atributos de diferentes modelos, que se traduz numa compreensão equivocada sobre genes e seu papel em sistemas vivos, com importantes consequências éticas e sociopolíticas, na medida em que favorece visão determinista genética.

Sobre a distribuição das atribuições de funções aos genes no livro, observamos na Figura 9 que a maior incidência é da função de “codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNA”, com 49% das unidades (257 unidades de registro), o que se justifica, visto que o conceito de gene mais utilizado foi o molecular clássico, no qual a função atribuída ao gene é exatamente a de codificação. Em segundo lugar, temos a função “controlar o metabolismo celular”, com uma frequência de 22% (240 unidades), o que mostra que se perde de vista o papel de vários mecanismos de controle que atuam no metabolismo (BRUGGEMAN *et al.*, 2002). A função “propiciar recurso para o desenvolvimento”, não foi encontrada, o que se justifica, dado que não foi encontrado o conceito de gene-D. Por sua vez, a função “causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica” foi identificada em 176 unidades de registro

---

<sup>26</sup> No original: An exciting breakthrough in CF [cystic fibrosis] research came in 1989 when investigators in the laboratories of Francis Collins at the University of Michigan and of Lap-Chee Tsui and John Riordan at the University of Toronto isolated the gene that is defective in CF patients. The gene encodes a protein called the cystic fibrosis transmembrane conductance regulator (CFTR). The sequence of nucleotide bases in the gene was determined by using methods that are described in Chapter 18 [...]. Knowing the base sequence of the gene, scientists were able to predict the amino acid sequence and the structure of the CFTR protein.

(16% das unidades), o que é consistente com o achado da frequência do gene-P no livro.

Podemos observar, na Tabela 5 e na Figura 10, a distribuição das funções atribuídas ao gene em cada uma das unidades de contexto. A função de “propiciar recurso para o desenvolvimento” não foi encontrada, o que se justifica visto que é uma função ligada ao gene-D e o conceito também não foi encontrado em nossas análises. É importante observar que, em cada contexto, tem destaque uma determinada função atribuída ao gene. Juntamente com os dados anteriores mostrando variabilidade do conceito de gene de acordo com o contexto, este achado mostra que se reflete no livro didático a variação de significados atribuídos ao conceito de gene por campo de investigação biológica (STOTZ *et al.*, 2004).

A função atribuída ao gene de “servir como unidade de seleção” aparece em quatro unidades (1% do total de unidades no livro).

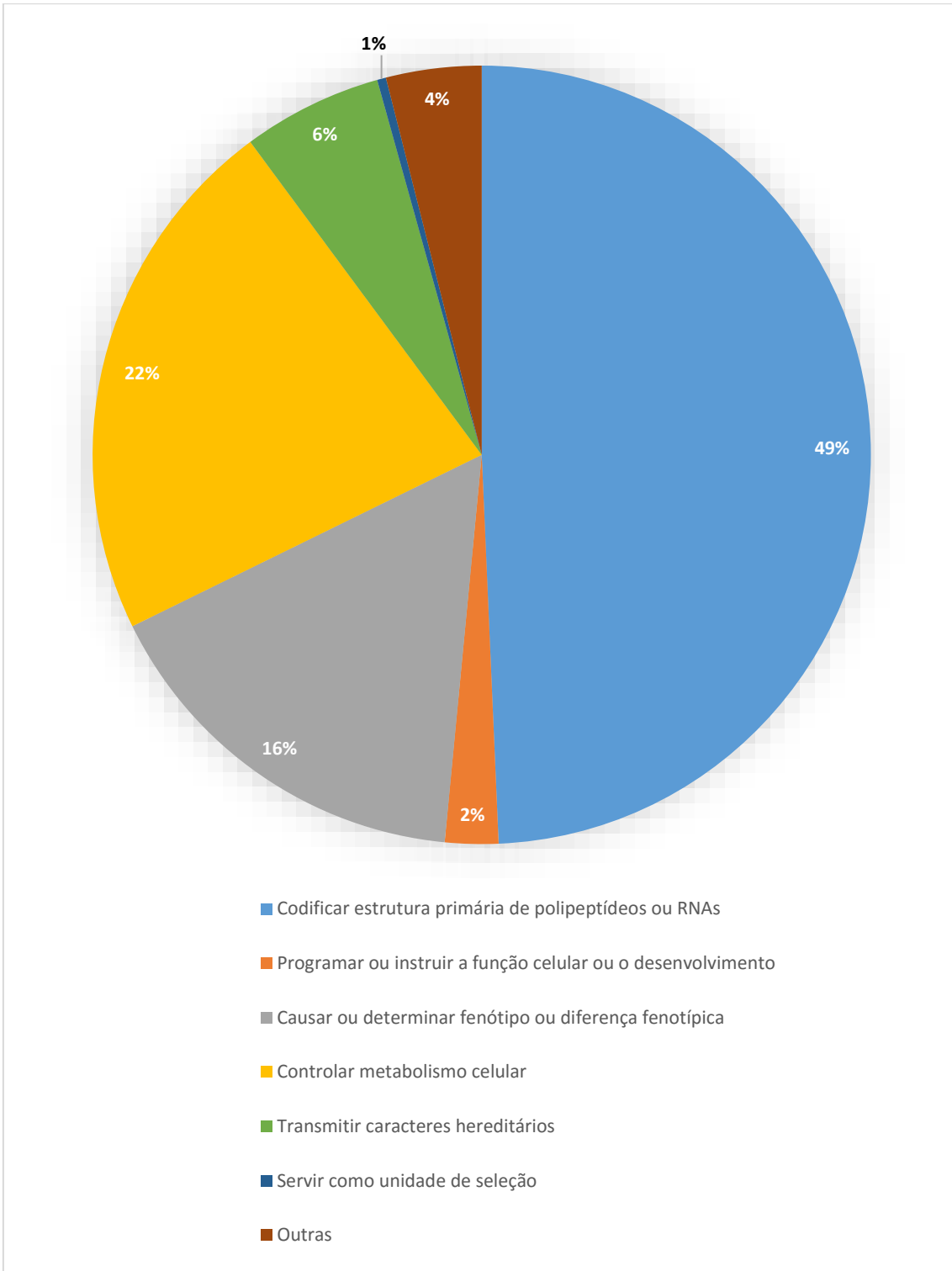


Figura 9: Frequência das funções atribuídas ao gene no livro *Becker's World of the Cell* (HARDIN et al., 2012).

FUNÇÕES CONTEXTOS	Codificar estrutura primária de polipeptídeos ou RNAs	Programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento	Causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica	Propiciar recurso para o desenvolvimento	Controlar metabolismo celular	Transmitir caracteres hereditários	Servir como unidade de seleção	Outras
Genética Clássica	0	0	8	0	1	26	0	3
Genética de Microorganismos	59	0	2	0	41	5	0	2
Genética de Eucariotos	135	2	13	0	33	0	1	1
Genética Médica	108	1	93	0	98	16	0	0
Biologia/Genética Molecular	88	7	11	0	8	0	0	8
Biologia Celular	49	9	13	0	22	6	1	8
Sinalização Celular	4	0	3	0	4	0	0	0
Engenharia Genética	19	0	18	0	12	3	1	5
Introdução	8	3	4	0	4	4	0	1
Glossário	57	2	11	0	17	3	1	11
TOTAIS	527	24	176	0	240	63	4	39

Tabela 5: Ocorrência de funções atribuídas ao gene por unidade de contexto no livro *Becker's World of the Cell* (HARDIN *et al.* 2012).

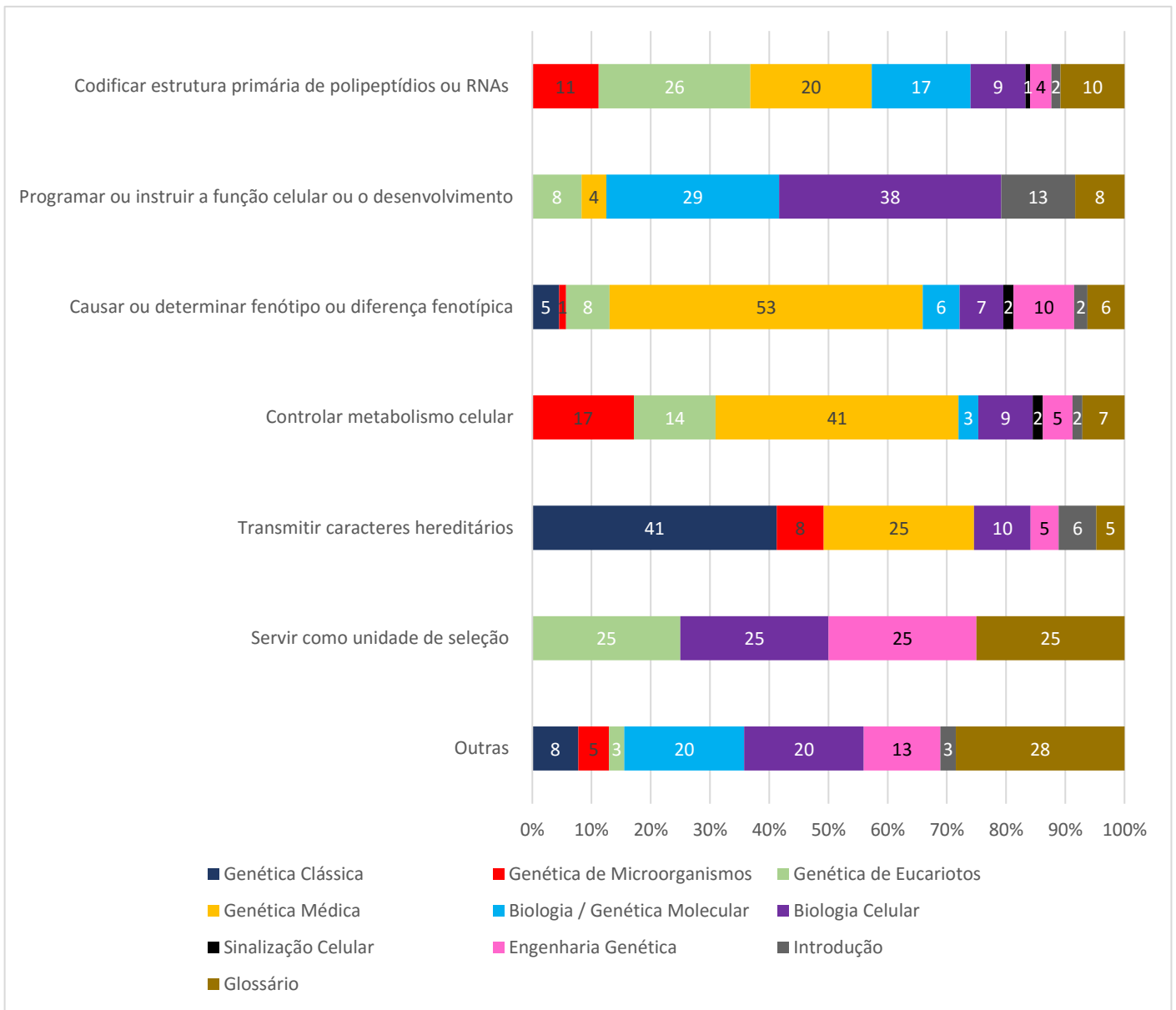


Figura 10: Frequência das categorias das funções atribuídas ao gene por unidade de contexto no livro *Becker's World of the Cell*. (HARDIN et al., 2012).

A categoria “transmitir caracteres hereditários” tem um total de 63 unidades de registro (6% do total) e aparece majoritariamente no contexto “genética clássica” (26 unidades de registro, 41%), seguido por “genética médica” (16 unidades, 25%) e “biologia celular” (6 unidades, 10%). A seguinte unidade, encontrada no contexto “genética clássica”, ilustra esta atribuição de função:



Além disso, a progênie é imprevisivelmente diferente; isto é, não podemos antecipar exatamente qual **combinação de genes uma progênie particular receberá de seus dois pais.** (HARDIN *et al.*, 2012, p. 600, **grifo nosso**)<sup>27</sup>

“Controlar metabolismo celular” é uma função atribuída ao gene que se fez presente em 240 das unidades de registro (22% do total no livro). Essa função teve destaque nos contextos “genética médica” (98 unidades, 41% do total de unidades em que foi encontrada essa função), “genética de microrganismos” (41 unidades, 17% do total de unidades em que estava presente essa função) e “genética de eucariotos” (33 unidades, 14% do total de unidades referindo-se a essa função).

A função de “causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica” perpassa por todas as unidades de contexto. As 176 unidades de registro (16% do total de unidades no livro didático) têm maior destaque no contexto “genética médica” (93 unidades, 53%), seguido por “engenharia genética” (18 unidades, 10%). Neste trecho temos um exemplo dessa atribuição de função no contexto “genética médica”:

Embora seja fácil ver por que células exibindo essas características tendem a prevalecer através da seleção natural, isso não se explica como os traços aberrantes em primeiro lugar se originaram. **Uma maneira pela qual novos traços surgem é através de mutações adicionais no DNA, que ocorrem após a mutação inicial, original.** Novos traços também podem ser produzidos por mudanças na expressão de genes normais. Como você aprendeu no Capítulo 23, numerosos mecanismos epigenéticos existem para ativar ou inibir a atividade de genes normais, sem mutá-los (HARDIN *et al.*, 2012, p. 769, **grifo nosso**)<sup>28</sup>

---

<sup>27</sup> No original: Moreover, the offspring are unpredictably dissimilar; that is, we cannot anticipate exactly which combination of genes a particular offspring will receive from its two parents.

<sup>28</sup> No original: While it is easy to see why cells exhibiting such traits tend to prevail through natural selection, this does not explain how the aberrant traits originate in the

A categoria “programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento” teve 24 unidades de registro contabilizadas (2% do total de unidades no livro didático) e se sobressaiu nas unidades “biologia celular” (9 unidades, 38%) e “biologia/genética molecular” (7 unidades, 29%).

Por sua vez, a categoria “codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs”, responsável por quase metade da incidência de funções (527 unidades de registro, 49% do total), aparece em todas as unidades de contexto, exceto “genética clássica”. A distribuição entre os contextos foi relativamente equilibrada, como já havíamos observado no conceito de gene relacionado, o conceito molecular clássico: 135 unidades em “genética de eucariotos” (26%), 108, em “genética médica” (20%), 88, em “biologia / genética molecular” (17%), 59, em “genética de microrganismos” (11%), 57, no glossário (11%). Em todas as unidades de contexto, foi a função mais frequentemente atribuída ao gene, exceto em “genética clássica”. A unidade seguinte, extraída do contexto “genética de eucariotos”, oferece um exemplo:

O padrão dos genes que são expressos em qualquer célula eucariótica é, em última análise, refletido no espectro de produtos gênicos funcionais — **usualmente moléculas de proteína mas em alguns casos de RNA** — produzidos por aquela célula. (HARDIN *et al.*, 2012, p. 722, **grifo nosso**)<sup>29</sup>

As sobreposições das funções atribuídas ao gene são mostradas na Figura 11. A categoria “codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs” é sobreposta por todas as outras categorias presentes no livro, chegando a 80% de sobreposição com a categoria “controlar metabolismo celular”, 67%, com a categoria “programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento” e 59%, com a categoria “causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica”. Isso

---

first place. One way new traits arise is through additional DNA mutations that occur after the original, initiating mutation. New traits can also be produced by changes in the expression of normal genes. As you learned in Chapter 23, numerous epigenetic mechanisms exist for activating or inhibiting the activity of normal genes without mutating them.

<sup>29</sup> No original: The pattern of genes being expressed in any given eukaryotic cell is ultimately reflected in the spectrum of functional gene products—usually protein molecules but in some cases RNA—produced by that cell.

decorre, de um lado, da íntima relação entre concepção informacional e conceito molecular clássico, e, de outro, da combinação entre este conceito e gene-P, com as consequências negativas discutidas acima.

É especialmente importante, por fim, analisar o modo como os autores explicitam, no glossário, sua compreensão sobre como genes devem ser definidos e, logo, entendidos por seus leitores. No glossário, encontramos a seguinte definição, que é distinta daquela fornecida no corpo do texto:

“Gene: **fator hereditário que especifica um traço herdado**; consiste de uma sequência de bases de DNA que codifica uma sequência de aminoácidos de uma ou mais cadeias polipeptídicas, ou alternativamente, **para um de vários tipos de RNA que realizam funções outras que não codificar cadeias polipeptídicas** (e.g., rRNA, tRNA, snRNA, or microRNA)” (HARDIN *et al.*, 2012, p. G-10, **grifo nosso**)<sup>30</sup>.

Esta não é uma definição inteiramente alinhada com o conceito molecular clássico. Ao referir-se ao gene como fator hereditário que especifica um traço herdado, ela se alinha com o conceito mendeliano. A definição também reconhece a possibilidade de não haver uma relação unitária entre genes e produtos gênicos, por exemplo, quando ocorre *splicing* alternativo, o que também o distancia de um compromisso estrito com o conceito molecular clássico. Não obstante, a atribuição de função ao gene típica do conceito molecular clássico aparece nessa definição, a de “codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs”, que, como vimos, é a função mais frequentemente atribuída ao gene ao longo do livro didático. Isso não é problemático, porque a função de codificação é compatível com um entendimento do gene molecular que se afasta da ideia de uma unidade de estrutura, função e informação no genoma. Por exemplo, na definição proposta por Gerstein e colaboradores

---

<sup>30</sup> No original: Gene: hereditary factor that specifies an inherited trait; consists of a DNA base sequence that codes for the amino acid sequence of one or more polypeptide chains, or alternatively, for one of several types of RNA that perform functions other than coding for polypeptide chains (e.g., rRNA, tRNA, snRNA, or microRNA).

(2007), que rompe com a ideia de unidade, a atribuição da função de codificação continua presente.

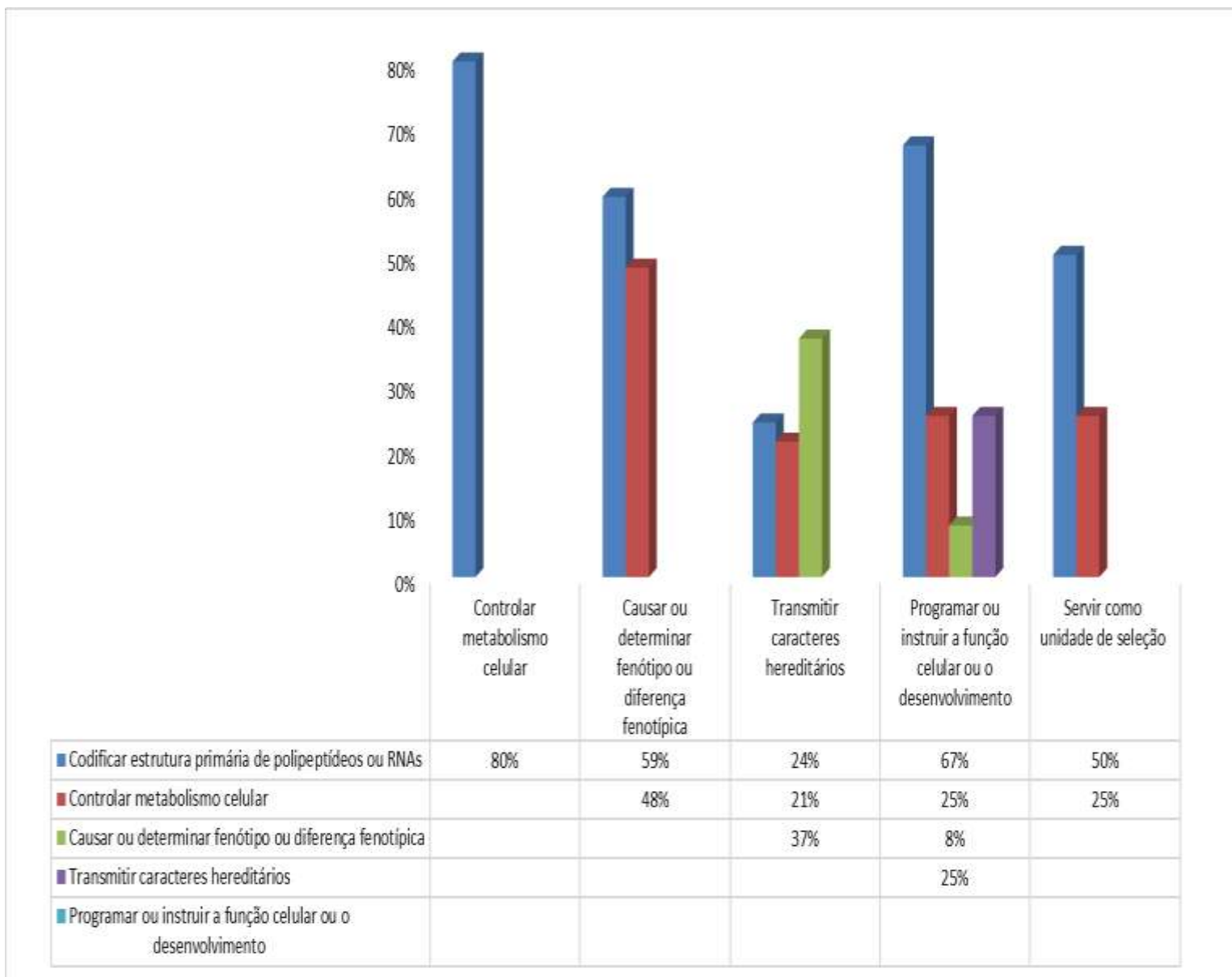


Figura 11: Frequência de sobreposições das funções atribuídas ao gene no livro *Becker's World of the Cell* (HARDIN *et al.*, 2012).

No corpo do texto, no contexto “biologia/genética molecular”, encontramos outra definição de gene – citada acima e apresentada como a “melhor” definição – que se alinha em parte com a definição presente no glossário, com exceção do compromisso com conceito mendeliano (HARDIN *et al.*, 2012, p. 650). De acordo com essa definição, genes são unidades funcionais

do DNA que codificam a sequência de aminoácidos de uma ou mais cadeias polipeptídicas ou de um ou vários tipos de RNA funcionais.

Porém, apesar destas definições, que não se alinham inteiramente com o conceito molecular clássico, ao usar o termo “gene” ao longo do livro, os autores se distanciam delas, utilizando predominantemente o conceito molecular clássico e comprometendo-se com frequência com a ideia de uma relação unitária entre genes e produtos gênicos.

O uso da palavra “modelo” neste livro foi encontrada no índice referente à: organismos modelos, modelos da estrutura da membrana, modelos “*space-fillings*” e modelos de sistemas genéticos nos estudos de sinalização celular. Com a busca pela palavra no arquivo eletrônico, encontramos, além dos casos citados acima, a palavra sendo usada para falar de modelo de regulação gênica, modelos estruturais de moléculas (por exemplo da insulina, do vírus do tabaco mosaico), modelos moleculares de recombinação homóloga, modelos de replicação do DNA e o modelo da dupla hélice para a estrutura do DNA proposto por Watson e Crick. O livro não traz a abordagem dos conceitos de modelo de função gênica.

O termo “herdabilidade” não resultou ocorrências e procuramos por “herdab”, prefixo que apareceu para se referir à doenças e desordens humanas herdáveis. “Genética quantitativa” não tem ocorrências, mas a busca por “quantitativ” gera resultados para estudos quantitativos. Ao falar de “gêmeos”, os autores se limitam a dizer que somente gêmeos idênticos possuem DNAs iguais e os utiliza como exemplo da influência do ambiente na explicação sobre padrões de metilação. “Adotado” não apareceu referente à gêmeos adotados e “gemone-wide” e “GWAS” não gerou ocorrências.

Diante desses resultados, observamos que este livro não traz uma abordagem referente ao modelo de função gênica, tratando os genes como se fossem representações da realidade, nem tampouco faz referência aos estudos de genética quantitativa, aqueles que correlacionam genes e fenótipos a nível populacional, podendo levar os leitores à uma equivocada visão sobre essa correlação.

## Molecular Biology of the Cell

*Molecular Biology of the Cell* (ALBERTS *et al.*, 2008) foi o livro didático com maior número de ocorrências nas ementas. Apareceu em 93 ementas na língua portuguesa, 50 ementas na língua inglesa e 41 ementas na língua espanhola, totalizando 184 ementas. Em comparação com *Becker's World of the Cell*, é um livro utilizado em disciplinas mais avançadas<sup>31</sup> de Biologia Celular e Molecular, para estudantes das mais diversas áreas das Ciências Biológicas e da Saúde. Em termos de tamanho, foi o maior livro do nosso *corpus* de análise, com 1392 páginas.

Neste livro, foi encontrado e categorizado um total de 1314 unidades de registro, divididas entre dez unidades de contexto (Figura 12). A unidade de contexto “genética de eucariotos” incluiu 20% do total de unidades (263 unidades), seguida por “biologia/genética molecular”, “genética médica”, “genética do desenvolvimento” e “engenharia genética” com 17% (218 unidades), 16% (211), 15% (203) e 10% (128 unidades), respectivamente.

Com relação à categorização das unidades de registro de acordo com os conceitos de gene identificados no livro (Figura 13), o conceito molecular clássico foi o mais frequente, com 1272 unidades de registro (73%), seguido do gene-P, com 294 unidades de registro (17%). Também não encontramos neste livro ocorrências do gene-D.

A Tabela 6 apresenta a quantidade de ocorrências de cada conceito de gene por unidade de contexto, enquanto a Figura 14 mostra a frequência das categorias por unidade de contexto.

---

31

Ver: [https://books.google.com.br/books?id=iepqmRfP3ZoC&dq=MOLECULAR+BIOLOGY+OF+THE+CELL++alberts&hl=pt-BR&sa=X&redir\\_esc=y](https://books.google.com.br/books?id=iepqmRfP3ZoC&dq=MOLECULAR+BIOLOGY+OF+THE+CELL++alberts&hl=pt-BR&sa=X&redir_esc=y) acesso em 07 jan 2016.

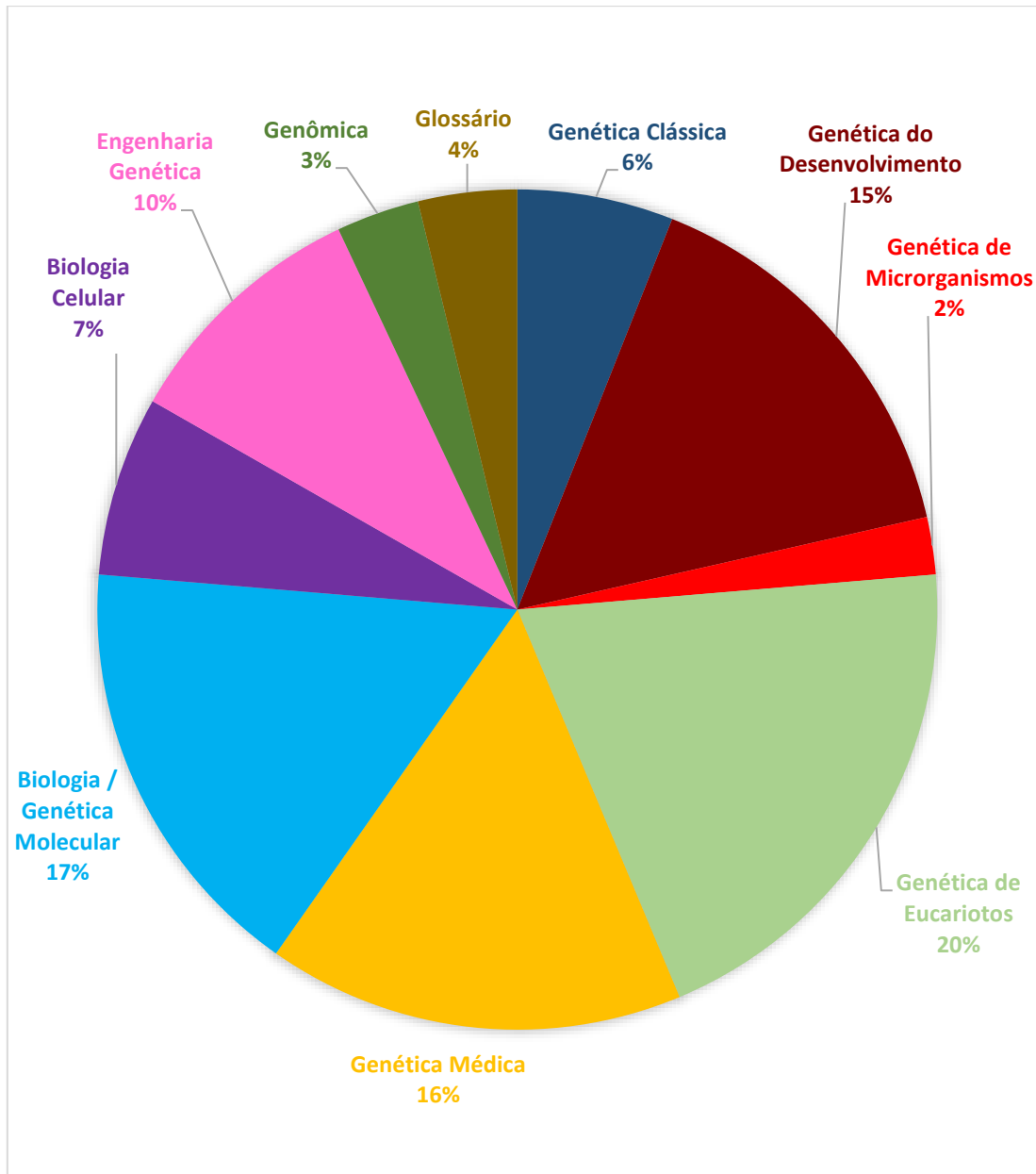


Figura 12: Distribuição das unidades de registro por unidade de contexto no livro *Molecular Biology of the Cell* (ALBERTS et al., 2008).

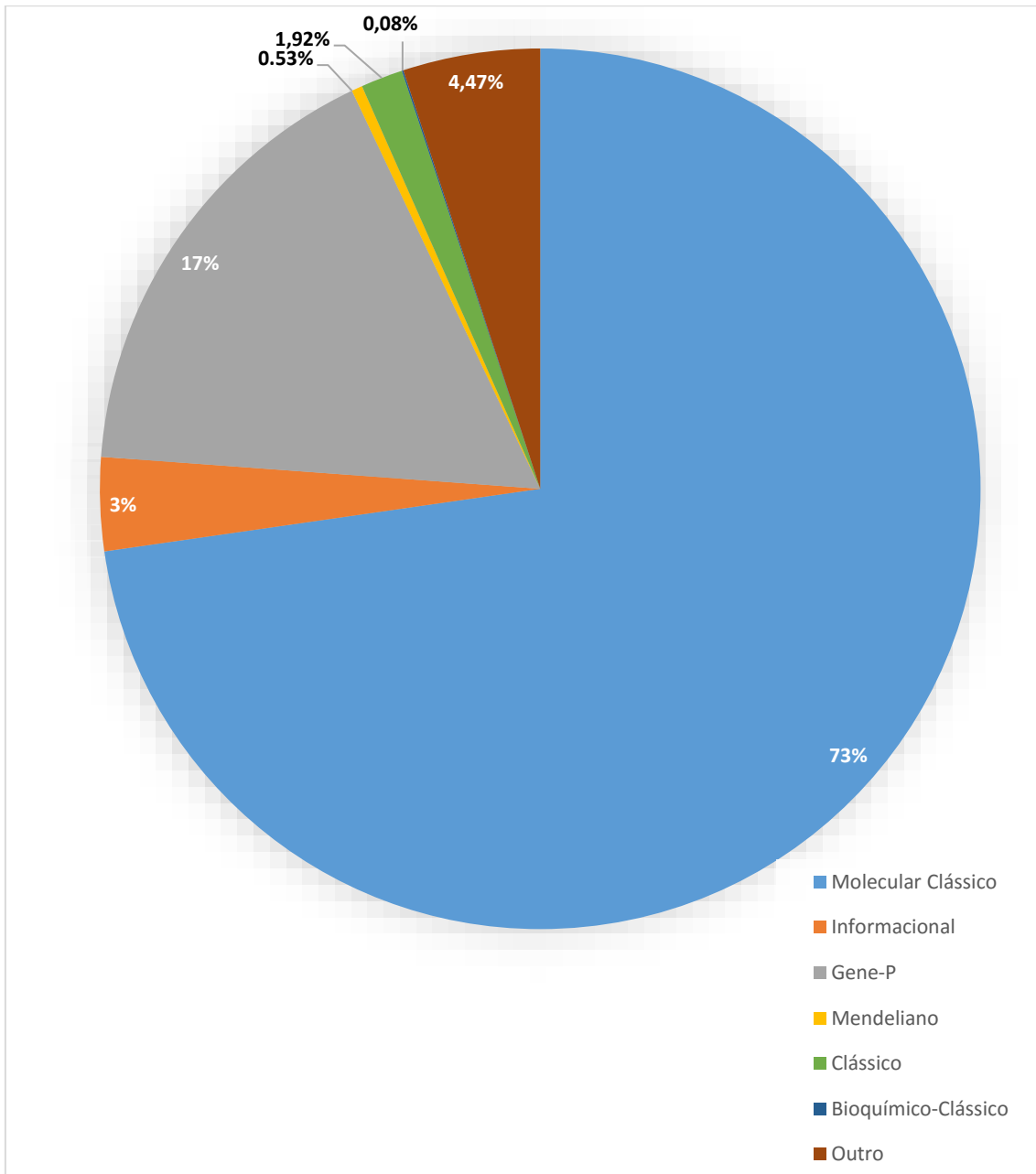


Figura 13: Frequência das categorias de conceitos de gene no livro *Molecular Biology of the Cell* (ALBERTS *et al.*, 2008).



CONCEITOS CONTEXTO	Molecular Clássico	Informacional	Gene-P	Gene-D	Mendeliano	Clássico	Bioquímico-Clássico	Outro
Genética Clássica	63	0	39	0	1	15	0	2
Genética do Desenvolvimento	201	12	56	0	0	0	0	1
Genética de Microrganismos	29	0	0	0	0	0	0	2
Genética de Eucariotos	260	14	9	0	1	1	0	30
Genética Médica	211	0	163	0	0	0	0	0
Biologia / Genética Molecular	209	24	16	0	2	9	1	16
Biologia Celular	84	6	4	0	3	0	0	17
Engenharia Genética	128	0	2	0	0	0	0	0
Genômica	42	1	1	0	0	0	0	13
Glossário	45	3	4	0	0	2	0	7
TOTAIS	1272	60	294	0	7	27	1	88

Tabela 6: Ocorrência das unidades de registro do conceito de gene por unidade de contexto no livro *Molecular Biology of the Cell* (ALBERTS *et al.*, 2008).

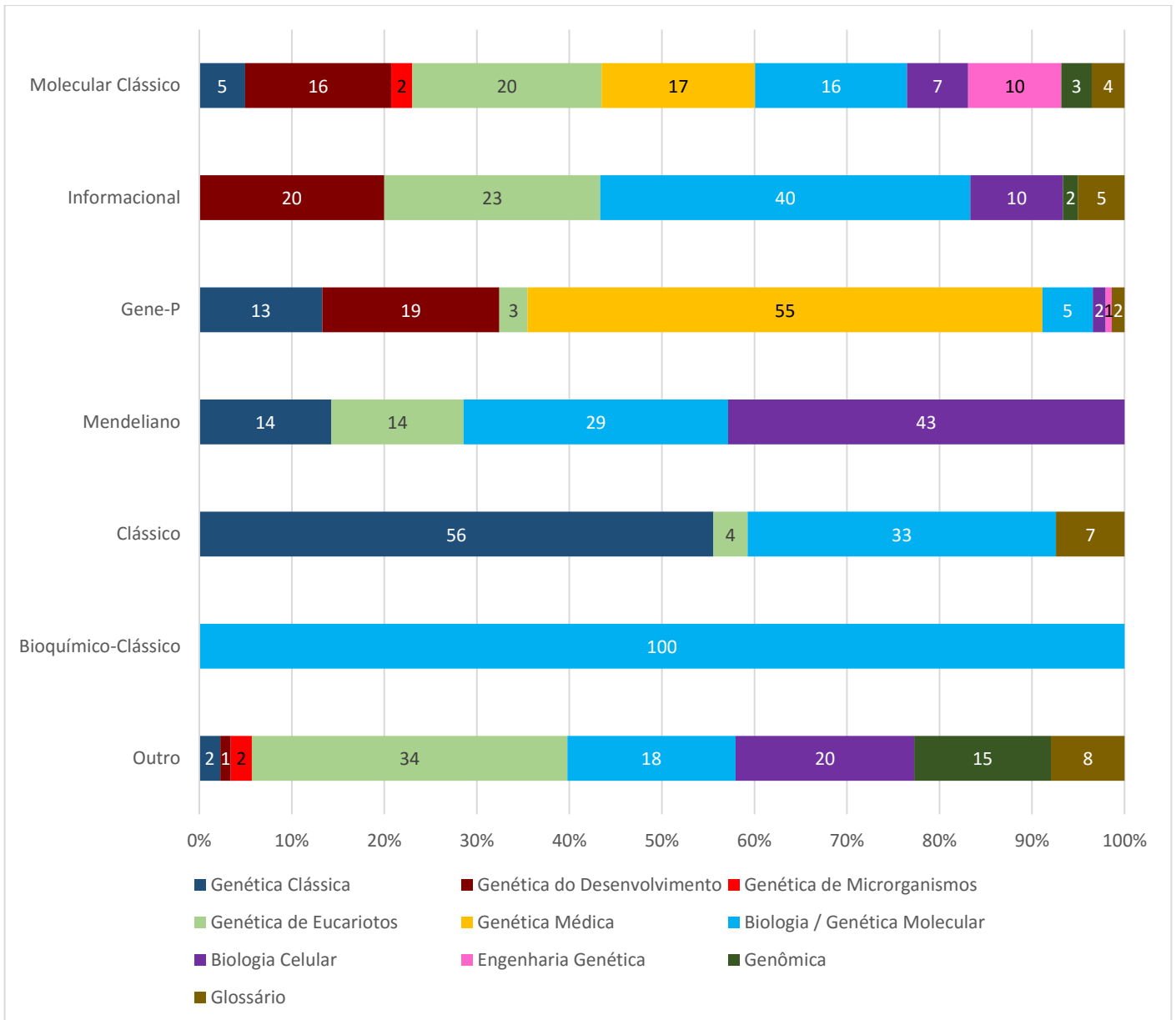


Figura 14: Frequência das categorias de conceitos de gene por unidade de contexto no livro *Molecular Biology of the Cell* (ALBERTS *et al.*, 2008).

A única unidade de registro do conceito bioquímico-clássico ocorreu no contexto “biologia/genética molecular”, numa unidade que relata os estudos de Beadle e Tatum.

O conceito clássico foi identificado em 27 unidades de registro (2% do total de unidades no livro). Em 15 unidades (56%), apareceu no contexto “genética clássica”, como esperado, e em 9 unidades (33%), no contexto

“biologia/genética molecular”, o que é compatível com a manutenção da ideia de unidade no conceito molecular clássico.

O conceito mendeliano, por sua vez, foi encontrado apenas em 7 unidades de registro (0,5% do total de unidades no livro), em apenas quatro contextos: “biologia celular”, “biologia/genética molecular”, “genética clássica” e “genética de eucariotos”. A ideia do gene como unidade de herança merece, assim, pouca atenção nesse livro, que dá mais ênfase às ideias do gene como unidade de estrutura e função, como mostra o predomínio do conceito molecular clássico.

Em 294 unidades de registro, identificamos a presença do conceito de gene-P (17% das unidades no livro), sendo 55% delas (163 unidades) no contexto “genética médica”; 19% (56 unidades), no contexto “genética do desenvolvimento”; 13% (39 unidades), no contexto “genética clássica”. Esse conceito só não foi encontrado no contexto “genética de microrganismos”. A presença importante desse conceito quando o livro trata de genética médica e genética clássica é esperada. O trecho abaixo ilustra a ocorrência do conceito de gene-P no contexto “genética clássica”:

Estudar organismos mutantes que adquiriram mudanças ou deleções em suas sequências nucleotídicas é uma prática consagrada na biologia e forma a base do importante campo da genética. Como mutações podem interromper processos celulares, os mutantes muitas vezes são a chave para entender a função gênica. Na abordagem clássica da genética, começa-se isolando mutantes que têm uma aparência interessante ou incomum: moscas das frutas com olhos brancos ou com asas curvadas, por exemplo. Trabalhando inversamente a partir do fenótipo - a aparência ou o comportamento do indivíduo - determina-se então o genótipo do organismo, a **forma do gene responsável por aquela característica**. (ALBERTS *et al.*, 2008, p. 553, **grifo nosso**)<sup>32</sup>

---

<sup>32</sup> No original: Studying mutant organisms that have acquired changes or deletions in their nucleotide sequences is a timehonored practice in biology and forms the basis of

A concepção informacional foi identificada em 60 unidades de registro (3% do total no livro), destacando-se nos seguintes contextos: “biologia/genética molecular” (40% das ocorrências, 24 unidades de registro), “genética de eucariotos” (23%, 14 unidades) e “genética do desenvolvimento” (20%, 12 unidades). A seguinte unidade fornece um exemplo, extraído do contexto “biologia/genética molecular”, no qual a maior ocorrência da concepção informacional era esperada, por seu vínculo com a ideia do gene molecular clássico:

**Genes carregam informação biológica** que deve ser copiada acuradamente para transmissão para a próxima geração a cada vez que uma célula se divide para formar duas células filhas (ALBERTS *et al.*, 2008, p. 199, **grifo nosso**).<sup>33</sup>

O conceito molecular clássico foi o único presente em todas as unidades de contexto. As 1272 unidades desse conceito estavam distribuídas nos seguintes contextos: “genética de eucariotos” (20%, 260 unidades), “genética médica” (17%, 211 unidades), “biologia / genética molecular” (16%, 209 unidades), “genética do desenvolvimento” (16%, 201 unidades) e “engenharia genética” (10%, 128 unidades). Além disso, foi o conceito mais utilizado em cada uma das unidades de contexto. É evidente, assim, que a principal ideia que professores e estudantes provavelmente terão acerca dos genes, ao utilizar o livro, será a do gene como unidade de estrutura e função, característica do conceito molecular clássico.

Em dois pontos no texto do livro *Molecular Biology of the Cell* nos quais são fornecidas definições explícitas acerca do que seria um gene, encontramos um compromisso com o conceito molecular clássico. Um desses casos se

---

the important field of genetics. Because mutations can disrupt cell processes, mutants often hold the key to understanding gene function. In the classical genetic approach, one begins by isolating mutants that have an interesting or unusual appearance: fruit flies with white eyes or curly wings, for example. Working backward from the phenotype – the appearance or behavior of the individual – one then determines the organism's genotype, the form of the gene responsible for that characteristic.

<sup>33</sup> No original: Genes carry biological information that must be copied accurately for transmission to the next generation each time a cell divides to form two daughter cells.

encontra na unidade de contexto “biologia/genética molecular”, trazendo uma expressão clara do conceito molecular clássico, não obstante a alusão a um fenômeno que trouxe desafio a ele, a existência de genes interrompidos:

Um gene é uma **sequência nucleotídica numa molécula de DNA que atua como uma unidade funcional para a produção de uma proteína, um RNA estrutural ou uma molécula de RNA regulatória ou catalítica**. Em eucariotos, genes codificadores de proteínas são usualmente compostos de uma fita de íntrons e éxons alternados associada com regiões regulatórias do DNA. Um cromossomo é formado por uma única molécula de DNA enormemente longa, que contém um arranjo linear de muitos genes (ALBERTS *et al.*, 2008, p. 218, **grifo nosso**).<sup>34</sup>

O segundo caso é encontrado na unidade “genética clássica” e traz uma superposição do conceito mendeliano e do conceito molecular clássico:

Gene: **uma unidade funcional de herança**, usualmente correspondendo a um **segmento de DNA que codifica uma proteína única**. (ALBERTS *et al.*, 2008, p. 554, **grifos nossos**).<sup>35</sup>

Contudo, apesar do compromisso com o conceito molecular clássico encontrado nas definições de gene ao longo do texto, no glossário encontramos uma definição mais rica de gene, que combina elementos do conceito molecular clássico e da concepção informacional, mas também reconhece aspectos que

---

<sup>34</sup> No original: A gene is a nucleotide sequence in a DNA molecule that acts as a functional unit for the production of a protein, a structural RNA, or a catalytic or regulatory RNA molecule. In eukaryotes, protein-coding genes are usually composed of a string of alternating introns and exons associated with regulatory regions of DNA. A chromosome is formed from a single, enormously long DNA molecule that contains a linear array of many genes.

<sup>35</sup> No original: Gene: a functional unit of inheritance, usually corresponding to the segment of DNA coding for a single protein.

não são contemplados nesses conceitos, como a geração de diversos produtos gênicos a partir do *splicing* alternativo:

Gene: Região de DNA que é transcrita como uma unidade única e **carrega informação para uma característica hereditária** discreta, usualmente correspondendo a (1) uma proteína única **(ou conjunto de proteínas relacionadas geradas por processamento pós-transcricional variante)**, ou (2) um RNA único (ou conjunto de RNAs intimamente relacionados) (ALBERTS et al., 2008, p. G-15, **grifos nossos**).<sup>36</sup>

Pode-se perceber que essa definição ainda orbita em torno do conceito molecular clássico, tanto pela ideia de que usualmente um único produto gênico decorre de uma região de DNA, quanto pela função atribuída ao gene de “codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs”, característica do conceito molecular clássico, predominante no livro e ainda importante para o entendimento do papel dos genes nos sistemas vivos.

No livro *Molecular Biology of the Cell* encontra-se uma referência à possibilidade de que uma região de DNA seja traduzida num conjunto de proteínas relacionadas se aproxima em parte da definição de gene proposta por Gerstein *et al.* (2007), como uma decorrência do projeto ENCODE, de acordo com a qual um gene seria uma união de sequências genômicas que codifica um conjunto coerente de produtos funcionais potencialmente superpostos. O que falta na definição presente no glossário do livro didático, em comparação com a definição de Gerstein e colaboradores, é uma perspectiva mais dinâmica do gene, como uma união de sequências genômicas.

No corpo do texto, há algumas passagens em que desafios ao conceito molecular clássico decorrentes de achados da pesquisa genética e molecular são reconhecidos e, mais do que isso, uma discussão sobre suas implicações para o conceito de gene é feita. Como comentado acima, um outro modo de

---

<sup>36</sup> No original: gene: Region of DNA that is transcribed as a single unit and carries information for a discrete hereditary characteristic, usually corresponding to (1) a single protein (or set of related proteins generated by variant post-transcriptional processing), or (2) a single RNA (or set of closely related RNAs).

entender o gene coexiste com o conceito molecular clássico no livro, não obstante a larga predominância deste último. Trata-se de um modo de compreender o gene que se alinha com uma das reações à crise desse conceito presente na comunidade científica, associada ao projeto ENCODE, embora sem uma influência direta, já que o mesmo trecho se encontra em edição anterior do livro, de 2002, anterior ao estabelecimento daquele projeto (2003). O que temos, nesse caso, é uma confluência de ideias sobre como entender o gene diante de anomalias como, por exemplo, o *splicing* alternativo. O seguinte trecho, encontrado no contexto “biologia/genética molecular” ilustra essa maneira alternativa de conceber o gene, no âmbito de um comentário sobre a história do conceito de gene:

A descoberta de que genes eucarióticos usualmente contêm íntrons e que suas sequências codificadoras podem ser montadas de mais de uma maneira levantou novas questões sobre a definição de um gene. Um gene foi pela primeira vez definido em termos moleculares de maneira clara no começo dos anos 1940, a partir de trabalhos sobre a genética bioquímica do fungo *Neurospora*. Até então, um gene havia sido definido operacionalmente como uma região do genoma que segrega como uma unidade única durante a meiose e dá origem a uma característica fenotípica definível, tal como um olho vermelho ou branco em *Drosophila* ou uma semente lisa ou rugosa em ervilhas. O trabalho sobre *Neurospora* mostrou que a maioria dos genes corresponde a uma região do genoma que dirige a síntese de uma enzima única. Isso levou à hipótese de que um gene codifica uma cadeia polipeptídica. A hipótese se mostrou fértil na pesquisa subsequente; à medida que se aprendia mais sobre o mecanismo da expressão gênica nos anos 1960, um gene se tornou identificado como aquele segmento de DNA que era transcrito no RNA que codificava uma cadeia polipeptídica única (ou um RNA estrutural único, tal como uma molécula de RNAt ou RNAr). A descoberta de genes interrompidos e íntrons no final dos anos 1970 poderia ser prontamente acomodada pela definição original de um gene, desde que uma cadeia polipeptídica única fosse especificada pelo RNA transcrito a

partir de uma sequência de DNA. Mas está agora claro que muitas sequências de DNA em células de eucariotos superiores podem produzir um conjunto de proteínas distintas (mas relacionadas) por meio de *splicing* alternativo de RNA. Como, então, um gene deve ser definido? Naqueles casos relativamente raros em que uma única unidade de transcrição produz duas proteínas eucarióticas muito diferentes, as duas proteínas devem ser consideradas como produzidas por genes distintos que se superpõem no cromossomo. Parece desnecessariamente complexo, no entanto, considerar a maioria das proteínas variantes produzidas por *splicing* alternativo de RNA como derivadas de genes superpostos. Uma alternativa mais razoável é modificar a definição original para considerar como um **gene qualquer sequência de DNA que seja transcrita como uma unidade única e codifique um conjunto de cadeias polipeptídicas intimamente relacionadas (isofomas proteicas)**. Essa definição de um gene também acomoda aquelas sequências de DNA que codificam proteínas variantes produzidos por outros processos pós-transcricionais além do *splicing* de RNA, tal como deslocamentos de quadro de leitura (*frameshifting*) traducional (...), adição regulada de poli-A e edição de RNA... (ALBERTS et al., 2008, p. 480-481, **grifo nosso**)<sup>37</sup>

---

<sup>37</sup> No original: The discovery that eukaryotic genes usually contain introns and that their coding sequences can be assembled in more than one way raised new questions about the definition of a gene. A gene was first clearly defined in molecular terms in the early 1940s from work on the biochemical genetics of the fungus *Neurospora*. Until then, a gene had been defined operationally as a region of the genome that segregates as a single unit during meiosis and gives rise to a definable phenotypic trait, such as a red or a white eye in *Drosophila* or a round or wrinkled seed in peas. The work on *Neurospora* showed that most genes correspond to a region of the genome that directs the synthesis of a single enzyme. This led to the hypothesis that one gene encodes one polypeptide chain. The hypothesis proved fruitful for subsequent research; as more was learned about the mechanism of gene expression in the 1960s, a gene became identified as that stretch of DNA that was transcribed into the RNA coding for a single polypeptide chain (or a single structural RNA such as a tRNA or an rRNA molecule). The discovery of split genes and introns in the late 1970s could be readily accommodated by the original definition of a gene, provided that a single polypeptide chain was specified by the RNA



Embora entendida pelos autores como apenas uma modificação do conceito molecular clássico, o rompimento com a ideia de unidade de estrutura e função, herdada da genética clássica e superposta a uma interpretação molecular do gene (FOGLE, 1990, 2000), aponta para uma superação desse conceito, diante de anomalias como o *splicing* alternativo e outros processos pós-transcricionais, a exemplo dos deslocamentos de quadro de leitura, da adição regulada de poli-A e da edição de RNA.

Em outras passagens do livro, encontramos referências a dificuldades enfrentadas pelo conceito molecular clássico, como a de determinar a localização de um gene:

Pequenas porções de DNA codificante (isto é, DNA que codifica proteína) são intercaladas com grandes blocos de DNA aparentemente sem significado. Algumas seções do genoma contêm muitos genes e outras não possuem quaisquer genes. Proteínas que trabalham em estreita colaboração umas com as outras na célula frequentemente têm seus genes localizados em cromossomos diferentes, e genes adjacentes tipicamente codificam proteínas que têm pouco a ver uma com a outra na célula. Decodificar genomas não é, portanto, um assunto simples. **Mesmo com a ajuda de poderosos computadores, ainda é difícil para os pesquisadores localizar definitivamente o começo e o fim dos genes nas sequências de DNA de genomas complexos, quanto mais prever quando**

---

transcribed from any one DNA sequence. But it is now clear that many DNA sequences in higher eukaryotic cells can produce a set of distinct (but related) proteins by means of alternative RNA splicing. How then, is a gene to be defined? In those relatively rare cases in which a single transcription unit produces two very different eukaryotic proteins, the two proteins are considered to be produced by distinct genes that overlap on the chromosome. It seems unnecessarily complex, however, to consider most of the protein variants produced by alternative RNA splicing as being derived from overlapping genes. A more sensible alternative is to modify the original definition to count as a gene any DNA sequence that is transcribed as a single unit and encodes one set of closely related polypeptide chains (protein isoforms). This definition of a gene also accommodates those DNA sequences that encode protein variants produced by post-transcriptional processes other than RNA splicing, such as translational frameshifting (...), regulated poly-A addition, and RNA editing.

**cada gene é expresso na vida do organismo.** Embora a sequência de DNA do genoma humano seja conhecida, provavelmente levará pelo menos uma década para identificar todos os genes e determinar a sequência precisa de aminoácidos das proteínas que eles produzem (ALBERTS *et al.*, 2008, p. 329, **grifo nosso**)<sup>38</sup>

Note-se que esse argumento mantém a expectativa de que um gene é algum tipo de unidade de estrutura no genoma, com começo e fim que podem ser localizados de maneira definitiva, mas, ao mesmo tempo, reconhece a complexidade da tarefa, sobretudo pela pequena quantidade de DNA que codifica proteínas em genomas complexos. Desse modo, trata-se de um trecho distinto daquele comentado anteriormente, por não abrigar um reconhecimento claro das dificuldades conceituais que seguem do problema discutido, nem uma indicação de outros modos de conceber o gene.

A coexistência do conceito molecular clássico e de maneiras alternativas de entender o gene no livro *Molecular Biology of the Cell* não corresponde a uma situação bem arranjada, na qual a diferenciação das interpretações do gene é claramente feita e apresentada a professores e estudantes de modo organizado. Como compatibilizar, por exemplo, a afirmação, no glossário, de que um gene é uma região de DNA transcrita como unidade única, portando informação para uma característica hereditária discreta e correspondendo “usualmente” a uma proteína única ou um RNA único (ALBERTS *et al.*, 2008, p. G-15; ver tb. ALBERTS *et al.*, 2008, p. 554, trecho citado acima). Ainda que se reconheça no

---

<sup>38</sup> No original: Small bits of coding DNA (that is, DNA that codes for protein) are interspersed with large blocks of seemingly meaningless DNA. Some sections of the genome contain many genes and others lack genes altogether. Proteins that work closely with one another in the cell often have their genes located on different chromosomes, and adjacent genes typically encode proteins that have little to do with each other in the cell. Decoding genomes is therefore no simple matter. Even with the aid of powerful computers, it is still difficult for researchers to locate definitively the beginning and end of genes in the DNA sequences of complex genomes, much less to predict when each gene is expressed in the life of the organism. Although the DNA sequence of the human genome is known, it will probably take at least a decade to identify every gene and determine the precise amino acid sequence of the protein it produces.

mesmo trecho que a correspondência pode ser a um conjunto de proteínas ou RNAs relacionados, a ideia de que este não é o caso usual ou dominante não pode ser facilmente compatibilizada, ao menos no caso de eucariotos superiores com a afirmação no corpo do texto de que “muitas” sequências de DNA em células de tais organismos podem produzir um conjunto de proteínas distintas, mas relacionadas (ALBERTS et al., 2008, p. 480-481). Mais difícil é compatibilizar com a afirmação peremptória, também no corpo do texto, de que um gene é uma sequência nucleotídica que atua como unidade funcional para a produção de uma proteína, um RNA estrutural ou uma molécula de RNA regulatória ou catalítica (ALBERTS et al., 2008, p. 218).

O que isso nos mostra? Em nosso entendimento, que o livro carece de uma abordagem epistemologicamente explícita sobre modelos de função gênica e conceitos de gene associados, de modo que a variação conceitual em torno do termo “gene” ao longo do livro seja devidamente organizada, criando condições para que os estudantes, ao aprenderem sobre e com modelos, possam entender as diferentes maneiras de entender o gene que estão sendo consideradas (ver GERICKE *et al.*, 2014). O que observamos no livro é um largo predomínio do conceito molecular clássico em todas as unidades de contexto e uma ausência de qualquer discussão explícita de modelos e conceitos bem demarcados, o que mina a possibilidade de os estudantes construírem uma compreensão gradualmente mais complexa acerca de genes e função gênica, ou seja, uma progressão de aprendizagem sobre diferentes modelos de função gênica e conceitos de gene. Desse modo, seria possível um deslocamento progressivo e organizado de explicações mais simples para explicações mais complexas acerca do gene. Contudo, o fato de que modelos não são trabalhados de modo explícito no livro termina por resultar numa aglomeração de propriedades atribuídas ao gene sobre o conceito que predomina em todo o livro, o molecular clássico, bem como em ambiguidades (quicá, contradições) e confusões conceituais na interpretação do que seja um gene, como discutimos acima.

Essa aglomeração de propriedades fica mais clara quando analisamos as sobreposições de conceitos de gene nas mesmas unidades de registro, apresentadas na Figura 15. Podemos observar que todos os conceitos de gene

encontrados no livro são superpostos ao conceito molecular clássico (variando de 85% a 100% de sobreposição). Assim, propriedades atribuídas aos genes em todos esses conceitos são amalgamadas sobre as bases fornecidos pela interpretação molecular, sem qualquer distinção entre conceitos produzidos em contextos históricos distintos, em resposta a diferentes questões associadas, por exemplo, à herança, à função celular, ao desenvolvimento.

Apesar de a concepção informacional ser encontrada apenas em 3% das unidades de registro, em 87% destas ele estava sobreposto ao conceito molecular clássico, sendo este, contudo, um achado esperado, dada a íntima relação entre estas duas interpretações do gene na história da genética. O trecho abaixo, retirado do contexto “biologia/genética molecular”, constitui um exemplo:

A função mais importante do DNA é portar genes, **a informação que especifica todas as proteínas e moléculas de RNA que formam um organismo, incluindo informação sobre quando, em quais tipos de celular e em quais quantidades cada proteína deve ser feita.** Os genomas dos eucariotos são divididos em cromossomos e nesta seção vemos como os genes são tipicamente arranjados em cada cromossomo. (ALBERTS et al., 2008, p. 202, **grifo nosso**)<sup>39</sup>

Neste trecho, podemos também identificar uma redução dos processos de regulação da expressão gênica e da síntese e função proteicas à informação contida no DNA, o que não é compatível com o que conhecemos sobre a natureza distribuída dos processos de controle nos sistemas celulares (ver BRUGGEMAN *et al.*, 2002). Trata-se de uma ideia sobre função gênica associada à concepção informacional, a de que genes programam ou instruem o funcionamento celular.

---

<sup>39</sup> No original: The most important function of DNA is to carry genes, the information that specifies all the proteins and RNA molecules that make up an organism including information about when, in what types of cells, and in what quantity each protein is to be made. The genomes of eucaryotes are divided up into chromosomes, and in this section we see how genes are typically arranged on each chromosome.

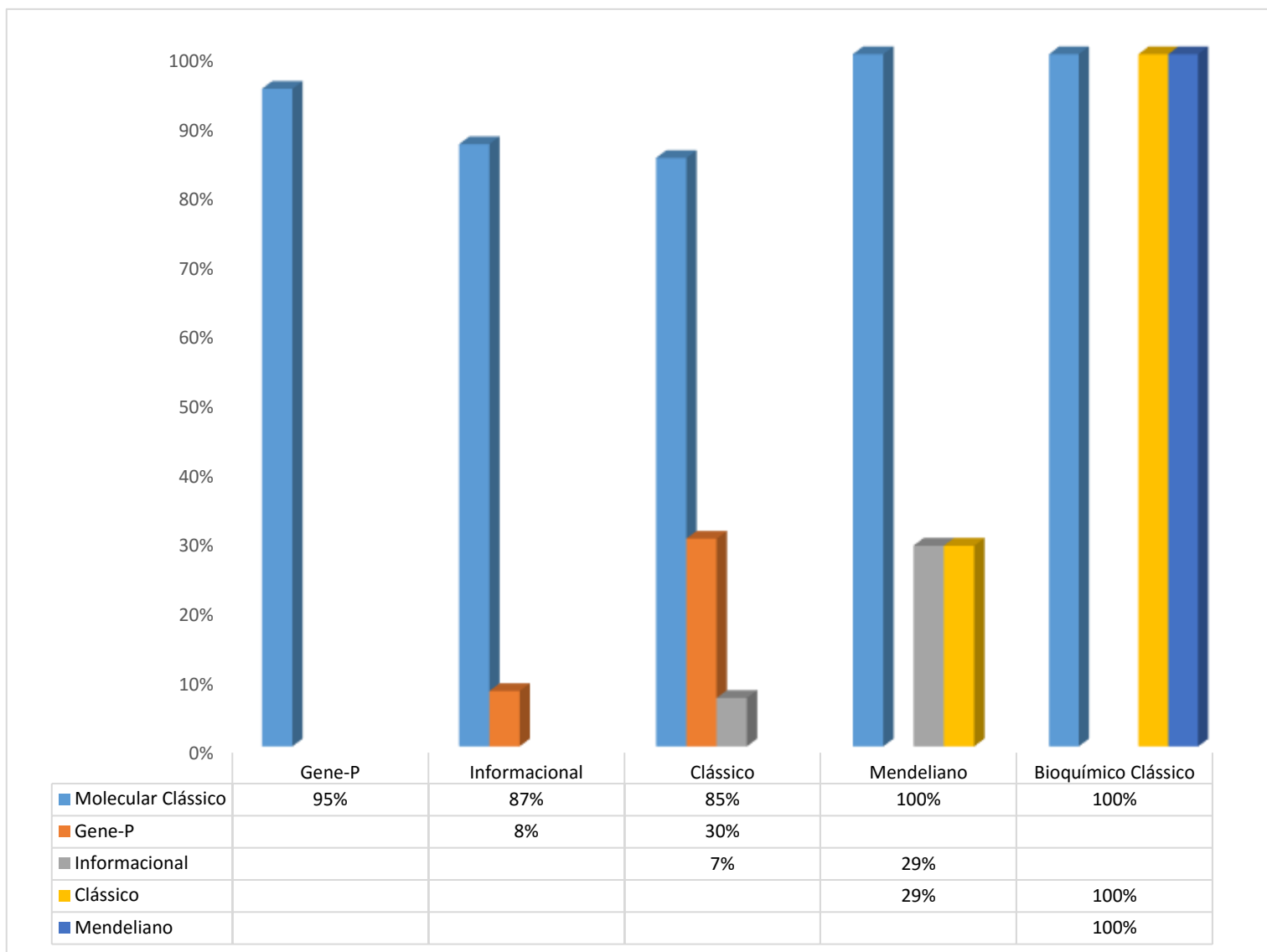


Figura 15: Frequência de sobreposições de conceitos de gene no livro *Molecular Biology of the Cell* (ALBERTS *et al.*, 2008).

Em 95% das unidades de registro, o gene-P foi encontrado sobreposto ao conceito molecular clássico. Para exemplificar, podemos citar a seguinte passagem, extraída do contexto “biologia/genética molecular”:

Aproximadamente um terço de todas as desordens genéticas em humanos resulta de mutações *nonsense* ou mutações (como mutações de deslocamento de quadro de leitura [*frameshift*] ou mutações de sítios de *splicing*) que situam mutações *nonsense* dentro do quadro de leitura do gene. Em indivíduos que apresentam um gene mutante e um gene funcional, o

decaimento mediado por mutações *nonsense* elimina o RNAm aberrante e, desse modo, evita que uma proteína potencialmente tóxica seja sintetizada. Sem esta salvaguarda, indivíduos que portam um gene funcional e um **‘gene da doença’** mutante provavelmente sofreriam sintomas muito mais severos (ALBERTS et al., 2008, p. 387, **grifo nosso**).<sup>40</sup>

Trata-se de uma mistura de ideias associadas a conceitos de gene que são usados de modo distinto na pesquisa e explicação genética, sendo um deles de natureza instrumentalista, o que é um aspecto importante para entender a possibilidade de aceitar a redução da relação entre genótipo a fenótipo a uma simples determinação, e outro de natureza realista, comprometido com um foco sobre a ação proximal dos genes, em cujo contexto ideias deterministas se mostram muito menos aceitáveis (se é que podem ser aceitas em qualquer caso que seja). Como discutimos anteriormente, esta é uma fonte do pensamento determinista genético, com todas as suas implicações. Estudantes e professores que usam esse livro são assim fortemente encorajados a assumir uma interpretação determinista, associada a uma compreensão molecular do gene, já que em quase todas as ocorrências do gene-P e do conceito molecular clássico, estes conceitos se encontram superpostos.

Todas as poucas unidades de registro classificadas como conceito mendeliano e bioquímico-clássico de gene apresentavam também o conceito molecular clássico. Entre as poucas unidades em que identificamos o conceito clássico, 85% exibiam sobreposição com aquele conceito. Observa-se, também, que há 100% de sobreposição dos conceitos mendeliano, clássico e bioquímico-clássico. Isso se dá devido a uma unidade de registro, já transcrita acima, na qual se faz referência à história do conceito de gene e, além disso, introduz-se

---

<sup>40</sup> No original: Approximately one-third of all genetic disorders in humans result from nonsense mutations or mutations (such as frameshift mutations or splice-site mutations) that place nonsense mutations into the gene’s reading frame. In individuals that carry one mutant and one functional gene, nonsense-mediated decay eliminates the aberrant mRNA and thereby prevents a potentially toxic protein from being made. Without this safeguard, individuals with one functional and one mutant “disease gene” would likely suffer much more severe symptoms.

maneira alternativa de conceber os genes (alinhada, como discutimos, com a proposta de GERSTEIN *et al.*, 2007) (ver ALBERTS *et al.*, 2008, p. 480-481).

A distribuição das funções atribuídas ao gene no livro é mostrada na Figura 16. Houve maior incidência da função de “codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNA”, presente em 66% das unidades de registro (1217 unidades), seguida da função de “causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica” com 20% (364 unidades de registro). Estes achados reforçam a conclusão de que o livro está mais comprometido com os conceitos molecular clássico e de gene-P, aos quais estão relacionadas estas duas funções atribuídas aos genes, respectivamente.

Não foi encontrada a função “propiciar recurso para o desenvolvimento”, o que se justifica por essa função estar relacionada ao conceito de gene-D, que também não foi encontrado no livro.

A distribuição das funções atribuídas ao gene por unidades de contexto pode ser verificada na Tabela 7 (em quantidades de ocorrências) e na Figura 17 (em frequência).

A função “servir como unidade de seleção” foi identificada em 2% das unidades de registro no livro (44 unidades). Entre elas, 13 se encontravam no contexto “genômica” (30%) e 12, no contexto “biologia celular” (27%). Por sua vez, a função “transmitir caracteres hereditários” apareceu em 1% das unidades de registro (23 unidades), sendo mais frequente, como esperado, nos contextos “genética clássica” (31%, 7 unidades) e “genética médica” (26%, 6 unidades). A baixa frequência da atribuição dessas duas funções ao gene reflete a menor atenção dada no livro às discussões sobre evolução e herança, na medida em que o foco de sua abordagem recai mais sobre o funcionamento celular.

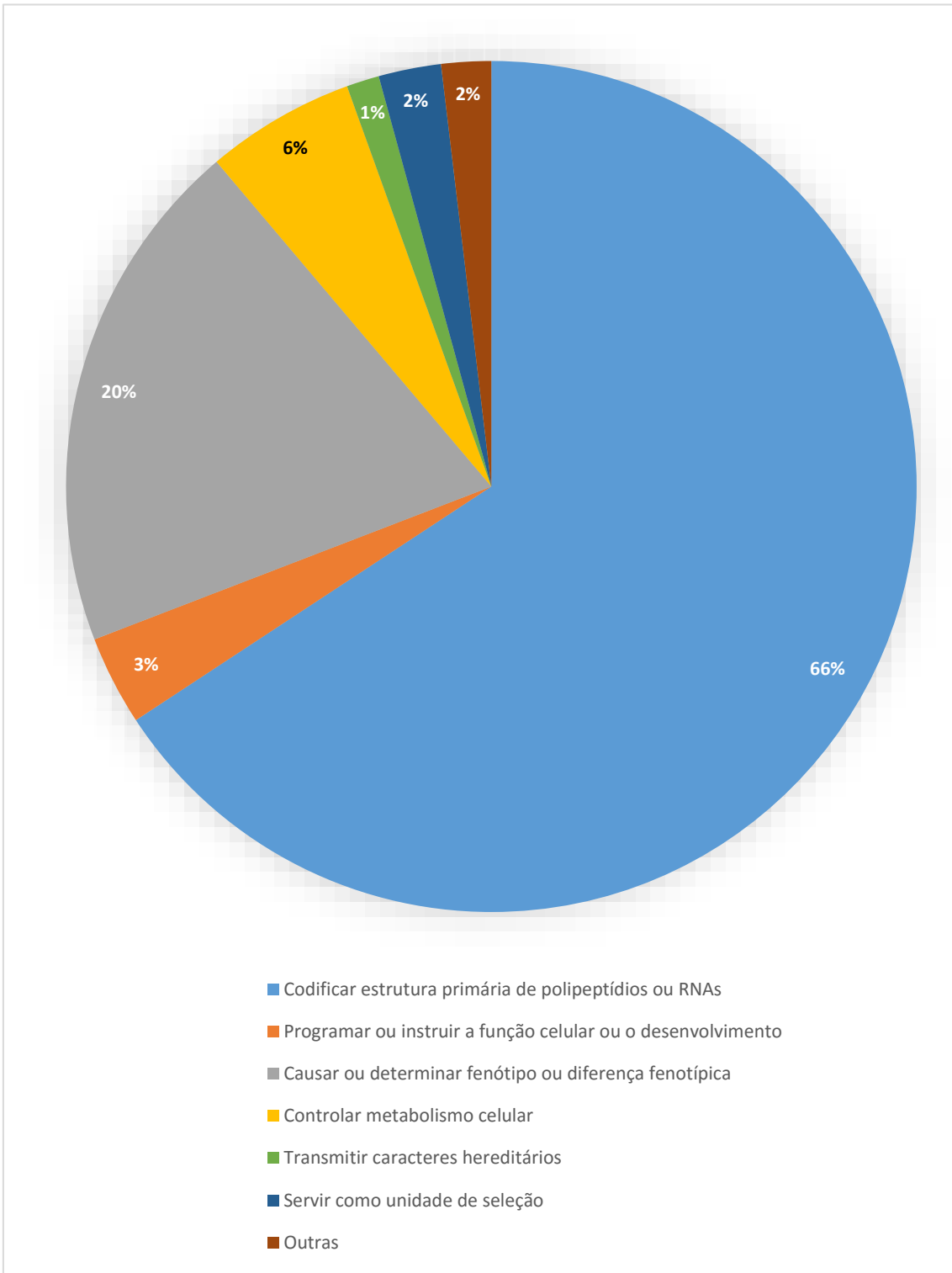


Figura 16: Frequência das funções atribuídas ao gene no livro *Molecular Biology of the Cell* (ALBERTS *et al.*, 2008).



FUNÇÕES CONTEXTOS	Codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs	Programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento	Causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica	Propiciar recurso para o desenvolvimento	Controlar metabolismo celular	Transmitir caracteres hereditários	Servir como unidade de seleção	Outras
Genética Clássica	62	0	40	0	11	7	3	0
Genética do Desenvolvimento	192	16	94	0	17	0	0	7
Genética de Microorganismos	29	0	0	0	0	0	1	0
Genética de Eucariotos	250	14	20	0	11	1	6	1
Genética Médica	210	0	163	0	27	3	0	3
Biologia / Genética Molecular	203	23	21	0	14	4	4	9
Biologia Celular	69	6	7	0	14	6	12	4
Engenharia Genética	128	0	8	0	2	0	0	0
Genômica	31	1	2	0	4	0	13	7
Glossário	43	3	9	0	5	2	5	4
TOTAIS	1217	63	364	0	105	23	44	35

Tabela 7: Ocorrência das funções atribuídas ao gene por unidade de contexto no livro *Molecular Biology of the Cell* (ALBERTS *et al.*, 2008).

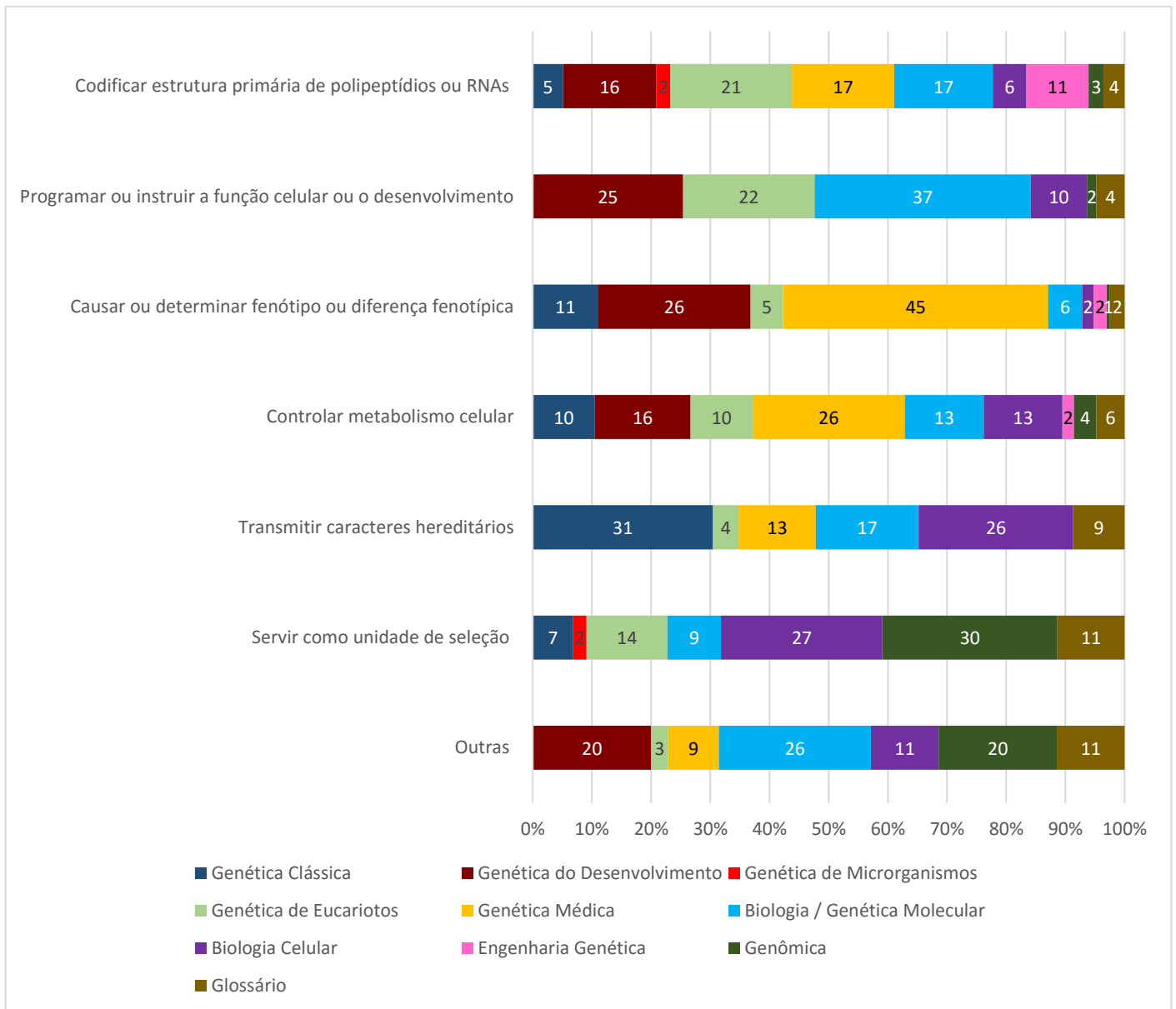


Figura 17: Frequência das categorias de função atribuídas ao gene por unidades de contexto no livro *Molecular Biology of the Cell* (ALBERTS *et al.*, 2008).

“Controlar o metabolismo celular” foi uma função encontrada em 105 unidades de registro (6% do total de unidades no livro). A maior incidência foi no contexto “genética médica” (27 unidades, 26%), seguido dos contextos “genética do desenvolvimento” (17 unidades, 16%), “biologia/genética molecular” e “biologia celular” (cada uma com 14 unidades, 13%), e “genética clássica” e “genética de eucariotos” (11 unidades, 10%). Podemos ver assim que a ideia de que genes controlam o metabolismo foi encontrada ao longo de todo o livro, o que o afasta de uma visão mais pluralista e distribuída dos mecanismos de

controle celular. O trecho abaixo, retirado do contexto “genética clássica”, ilustra a atribuição de tal função ao gene:

Como defeitos em genes que são requeridos para processos celulares fundamentais – síntese e processamento de RNA ou **controle do ciclo celular**, por exemplos – são usualmente letais, as funções desses genes são frequentemente estudadas em indivíduos com mutações condicionais. (ALBERTS *et al.*, 2008, p. 556, **grifo nosso**)<sup>41</sup>

A função “causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica” só não foi encontrada no contexto “genética de microrganismos”. Os contextos nos quais essa atribuição de função mais apareceu foram “genética médica” (163 unidades, 45%), “genética do desenvolvimento” (94 unidades, 26%) e “genética clássica” (40 unidades, 11%). A frequência observada nos contextos genética médica e clássica era esperada, dado que o conceito de gene-P, ao qual essa função está relacionada, é bastante usado em análises realizadas e explicações propostas nesses dois campos. No caso da genética do desenvolvimento, o achado reforça a interpretação de que o livro se compromete com uma compreensão determinista do desenvolvimento.

“Programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento” foi encontrada em 63 unidades de registro (3%), com maior frequência nos contextos “biologia/genética molecular” (23 unidades, 37%), “genética do desenvolvimento” (16 unidades, 25%) e “genética de eucariotos” (14 unidades, 22%). O resultado obtido no primeiro e terceiro contextos não surpreende, dado o uso frequente nos campos correspondentes de uma linguagem informacional, à qual esta visão sobre o papel dos genes nas células está associada (KELLER, 2000; OYAMA, [1985] 2000). A frequência na qual esta função foi encontrada na abordagem da genética do desenvolvimento reforça a conclusão de que uma visão determinista genética acerca do desenvolvimento é assumida no livro. O

---

<sup>41</sup> No original: Because defects in genes that are required for fundamental cell processes- RNA synthesis and processing or cell-cycle control, for example - are usually lethal, the functions of these genes are often studied in individuals with conditional mutations.

exemplo abaixo, retirado do contexto “genética do desenvolvimento”, ilustra esta função atribuída ao gene:

Para identificar os **genes que governam o desenvolvimento vegetal e descobrir como eles funcionam**, biólogos vegetais selecionaram uma pequena erva daninha, (...) *Arabidopsis thaliana* (...) como seu principal organismo modelo (ALBERTS *et al.*, 2008, p. 1398, **grifo nosso**)<sup>42</sup>

A função atribuída ao gene de “codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs” foi utilizada em todos os contextos, distribuindo-se mais equitativamente entre eles com destaque para os contextos: “genética de eucariotos” (250 unidades, 21%), “genética médica” e “biologia/genética molecular” (210 e 203 unidades, respectivamente, correspondendo a 17% em ambas), “genética do desenvolvimento” (192 unidades, 16%) e “engenharia genética” (128 unidades, 11%). Se, de um lado, este achado é compatível com o papel central do conceito molecular clássico nesse livro, não se deve esquecer, de outro, que a ideia de codificação se mantém legítima mesmo em interpretações do gene que rompem com sua identificação com uma unidade de estrutura e função no genoma.

A atribuição dessa função ao gene pode ser exemplificada com os seguintes trechos, encontrados nas unidades de contexto “genética de eucariotos” e “genética médica”, respectivamente:

Uma grande **fração dos genes no genoma eucariótico codifica proteínas** que regulam as atividades de outros genes. A maioria dessas proteínas de regulação gênica atua por meio de ligação, direta ou indiretamente, ao DNA regulatório

---

<sup>42</sup> No original: To identify the genes that govern plant development and to discover how they function, plant biologists have selected a small weed, (...) *Arabidopsis thaliana* (...) as their primary model organism.

adjacente aos genes que devem ser controlados (ALBERTS *et al.*, 2008, p. 31, **grifo nosso**).<sup>43</sup>

Uma pequena mudança na sequência de DNA, tal como uma mutação pontual ou uma deleção, **pode produzir uma proteína hiperativa, quando ocorre dentro de uma sequência codificadora de proteína, ou levar a uma superprodução de proteína, quando ocorre dentro de uma região regulatória daquele gene** (ALBERTS *et al.*, 2008, p. 1237, **grifo nosso**).<sup>44</sup>

Assim como no caso do conceito de gene, há muitas sobreposições de atribuições de função aos genes nas unidades de registro (ver Figura 18). A sobreposição das funções de “causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica”, “controlar metabolismo celular” e “programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento” à função de “codificar estrutura primária de polipeptídeos ou RNAs” (93%, 92% e 83%, respectivamente) é particularmente importante, porque mostra como ideias deterministas se combinam com a interpretação molecular do gene.

Os trechos abaixo, retirados dos contextos “genética de eucariotos” e “genética médica”, ilustram sobreposições das funções “causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica” e “controlar metabolismo celular” à função de “codificar estrutura primária de polipeptídeos ou RNAs”, respectivamente:

Nós sabemos que até mesmo **uma mudança num único nucleotídeo que altera um aminoácido em uma proteína pode causar uma séria doença, como, por exemplo, anemia falciforme, que é causada por uma mutação na hemoglobina.** <TTTT>. Também sabemos que a dosagem

---

<sup>43</sup> No original: A large fraction of the genes in the eukaryotic genome code for proteins that regulate the activities of other genes. Most of these gene regulatory proteins act by binding, directly or indirectly, to the regulatory DNA adjacent to the genes that are to be controlled.

<sup>44</sup> No original: A small change in DNA sequence such as a point mutation or deletion may produce a hyperactive protein when it occurs within a protein-coding sequence, or lead to protein overproduction when it occurs within a regulatory region for that gene.

gênica - uma duplicação ou redução para metade do número de cópias de alguns genes - pode ter um efeito profundo no desenvolvimento humano através da alteração do nível do produto gênico. Há, portanto, todas as razões para supor que algumas das muitas diferenças entre quaisquer dois seres humanos terá efeitos substanciais na saúde, fisiologia e comportamento humano, sejam SNPs ou variações no número de cópias. (ALBERTS *et al.*, 2008, p. 260, **grifo nosso**)<sup>45</sup>

Rb serve como um freio que restringe a entrada na fase S mediante ligação e inibição de proteínas de regulação gênica da família E2F, que são necessárias para transcrever **genes que codificam proteínas necessárias para a entrada na fase S**. (ALBERTS *et al.*, 2008, p. 1243, **grifo nosso**)<sup>46</sup>

---

<sup>45</sup> No original: We know that even a single nucleotide change that alters one amino acid in a protein can cause a serious disease, as for example in sickle cell anemia, which is caused by such a mutation in hemoglobin. <TTTT> We also know that gene dosage - a doubling or halving of the copy number of some genes - can have a profound effect on human development by altering the level of gene product. There is therefore every reason to suppose that some of the many differences between any two human beings will have substantial effects on human health, physiology, and behavior, whether they be SNPs or copy number variations.

<sup>46</sup> No original: Rb serves as a brake that restricts entry into S phase by binding to and inhibiting gene regulatory proteins of the E2F family, which are needed to transcribe genes that encode proteins required for entrance into S phase.

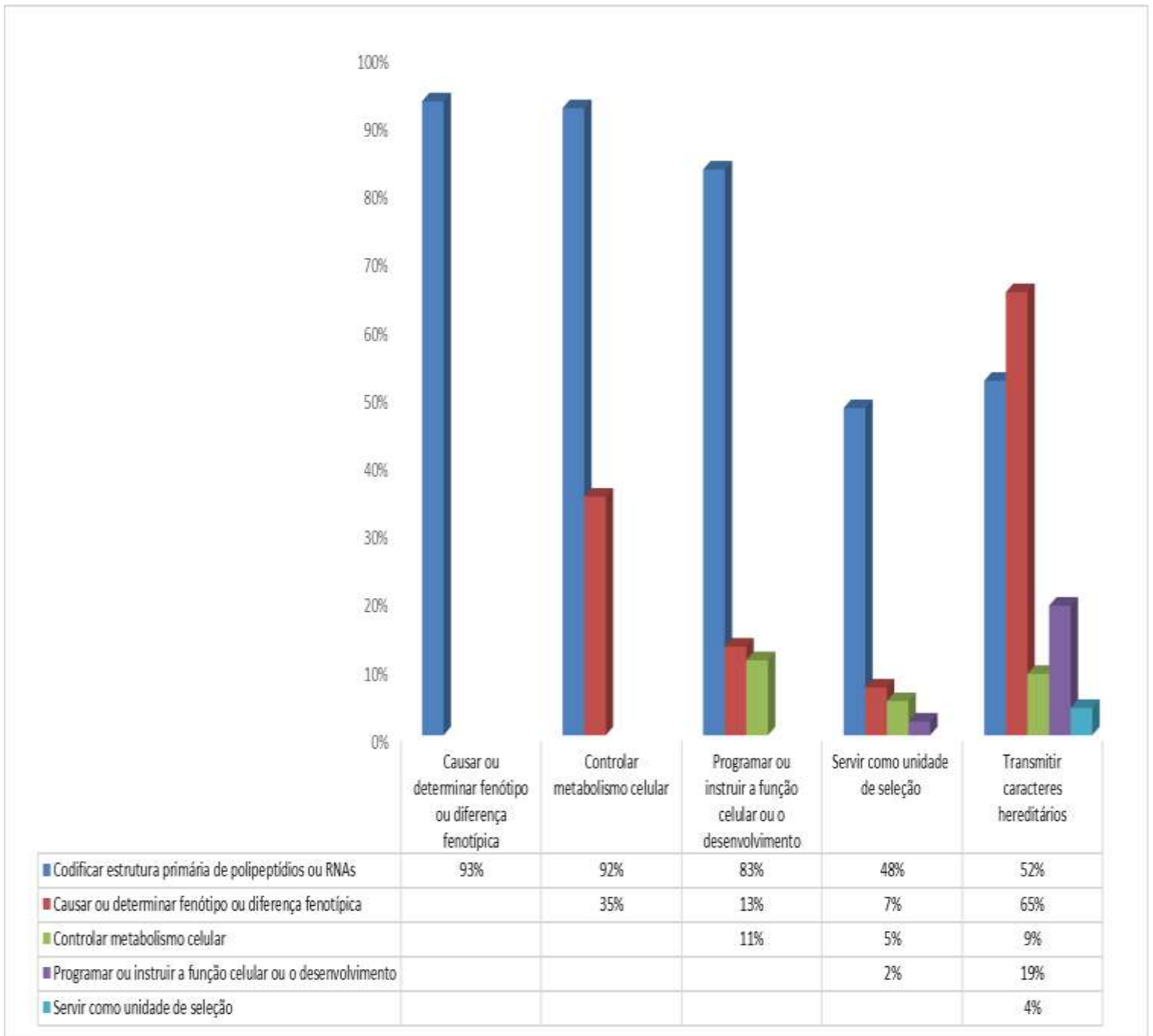


Figura 18: Frequência de sobreposições das funções atribuídas ao gene no livro *Molecular Biology of the Cell* (ALBERTS *et al.*, 2008).

Neste livro, os autores se referem à “modelo” no glossário para organismos modelos e “modelo genético”. Ao longo do texto, a palavra é encontrada para designar organismos modelos, modelos de estruturas (como ATP, fibras de cromatinas, microtúbulos, entre tantos outros), modelos de membrana (modelo mosaico-fluido), modelos de transporte e comunicação celular, modelo da estrutura do DNA proposto por Watson e Crick, modelo de

hibridização do DNA, modelo de recombinação *base pairing* do DNA, modelo de replicação do DNA. Apesar de tantas ocorrências de modelos, o gene e a função gênica não são tratados como sendo modelos o que, como já discurremos, pode levar a uma falsa conclusão por parte dos alunos e professores de que os genes são representações fiéis da realidade.

Assim como no livro anterior “herdabilidade” foi uma palavra que não apareceu, mas procurado o prefixo “herdab” aparece ocorrências de que a molécula do DNA carrega a informação herdada, doenças que são herdáveis, e na explicação sobre herança epigenética, porém não há referências à estudos de herdabilidade. “Quantitative genetics” não foi citado no livro, porém “quantitativ” remeteu à RT-PCR quantitativo e à informações quantitativas. O termo “twin” aparece apenas para dizer que humanos possuem DNAs diferentes, exceto gêmeos idênticos, e no índice há uma referência à “estudos com gêmeos”, porém esses estudos dizem respeito somente à observação de diferentes fenótipos como resultado de efeitos aleatórios do ambiente. “Adotados” é uma palavra usada em outros contextos que não os que nos interessam sobre estudos com gêmeos adotados e “*genome-wide*” e “GWAS” não aparecem no livro.

Apesar de não trazer os termos de forma direta, o livro faz uma abordagem dos estudos GWAS de forma indireta ao falar sobre estudos que buscam achar os genes que poderiam ser os responsáveis por certas características fenotípicas. Os autores também abordam que muitos traços fenotípicos não são causados por um único gene, mas por um conjunto deles, assim, é difícil achar genes responsáveis por fenótipos. Não há o cuidado de explicar o que seriam os estudos GWAS nesse livro e, assim, uma abordagem mais crítica a respeito do conceito de gene não é feita, o que seria ideal para que os estudantes tenham consciência de que esses estudos são feitos em populações, o que explicaria a dificuldade em relacionar genes e fenótipos.



## Molecular Cell Biology

O livro didático *Molecular Cell Biology* (LODISH *et al.*, 2013) foi o segundo mais indicado pelas ementas analisadas: 80 ementas, sendo 30 em língua portuguesa, 21 em língua inglesa e 29 em língua espanhola. Assim como o livro didático *Molecular Biology of the Cell*, este livro é recomendado em disciplinas mais avançadas<sup>47</sup> de Biologia Celular e Molecular, para estudantes de cursos de graduação nas diversas áreas das Ciências Biológicas e da Saúde. Dentre os livros analisados, foi o segundo maior, com 1154 páginas.

Neste livro didático, encontramos 1196 unidades de registro, distribuídas em sete unidades de contexto (Figura 19). O contexto com mais unidades de registro foi “biologia/genética molecular”, com 405 unidades (34% do total), seguido por “genética médica”, com 299 unidades (25%), “genética de eucariotos”, com 230 unidades (19%), e “biologia celular”, com 115 unidades (10%).

A categorização dos conceitos de gene identificados nas unidades de registro (Figura 20) mostra que o conceito molecular clássico é o mais frequente no livro, sendo encontrado em 1181 unidades de registro (87%). Em seguida, com apenas 6% das ocorrências, temos o conceito de gene-P (encontrado em 69 unidades). Neste livro didático, não encontramos ocorrências do conceito de gene-D, nem do conceito bioquímico-clássico.

A distribuição das categorias de conceitos de gene pelas unidades de contexto pode ser observada na Tabela 8, que apresenta as quantidades de ocorrência, e na Figura 21, que mostra as frequências.

---

<sup>47</sup> Ver:

[http://www.amazon.com/Molecular-Cell-Biology-Harvey-Lodish/dp/142923413X/ref=dp\\_rm\\_title\\_1](http://www.amazon.com/Molecular-Cell-Biology-Harvey-Lodish/dp/142923413X/ref=dp_rm_title_1) acesso em 07 jan 2016

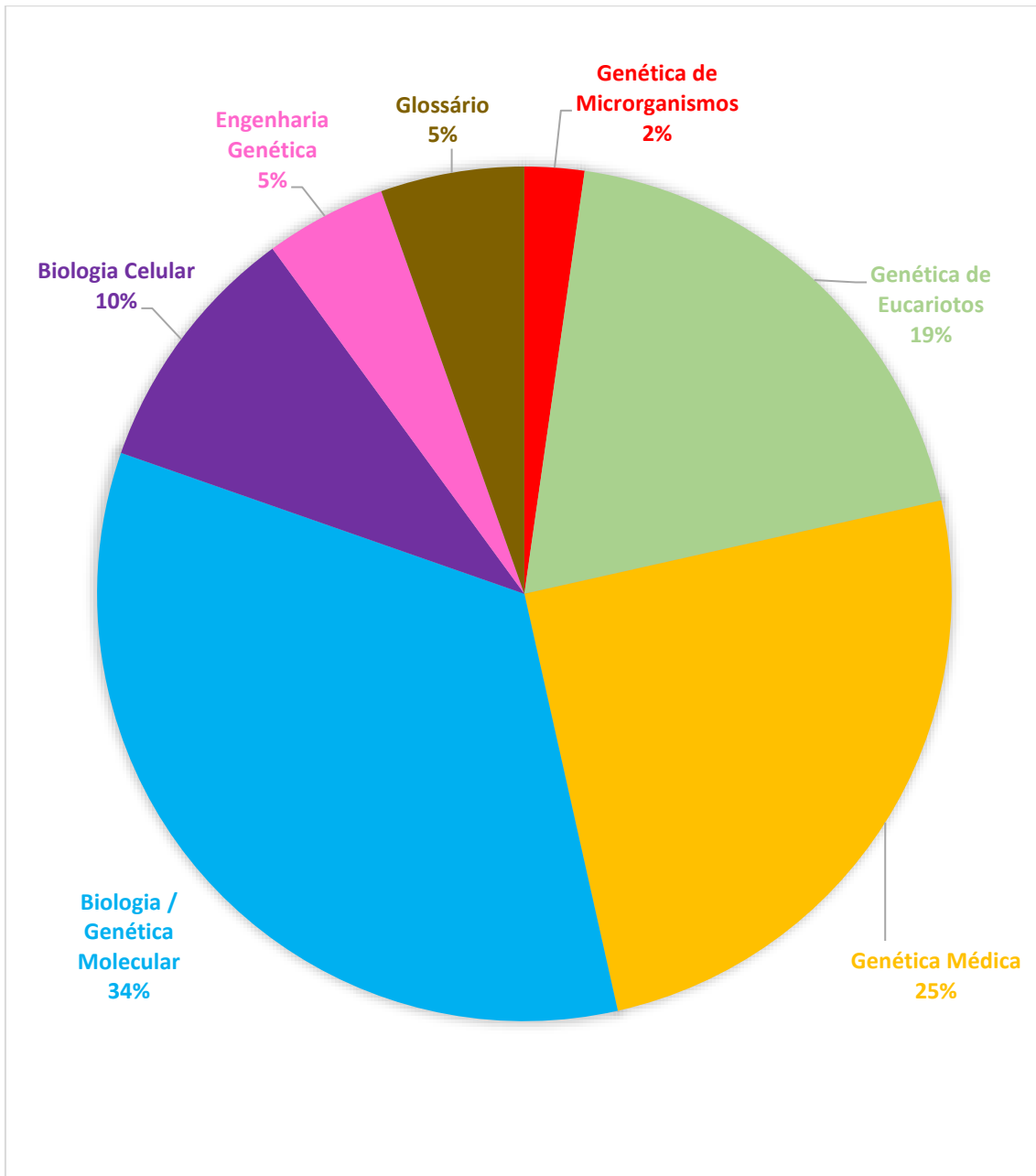


Figura 19: Distribuição das unidades de registro por unidade de contexto no livro *Molecular Cell Biology* (LODISH *et al.*, 2013).

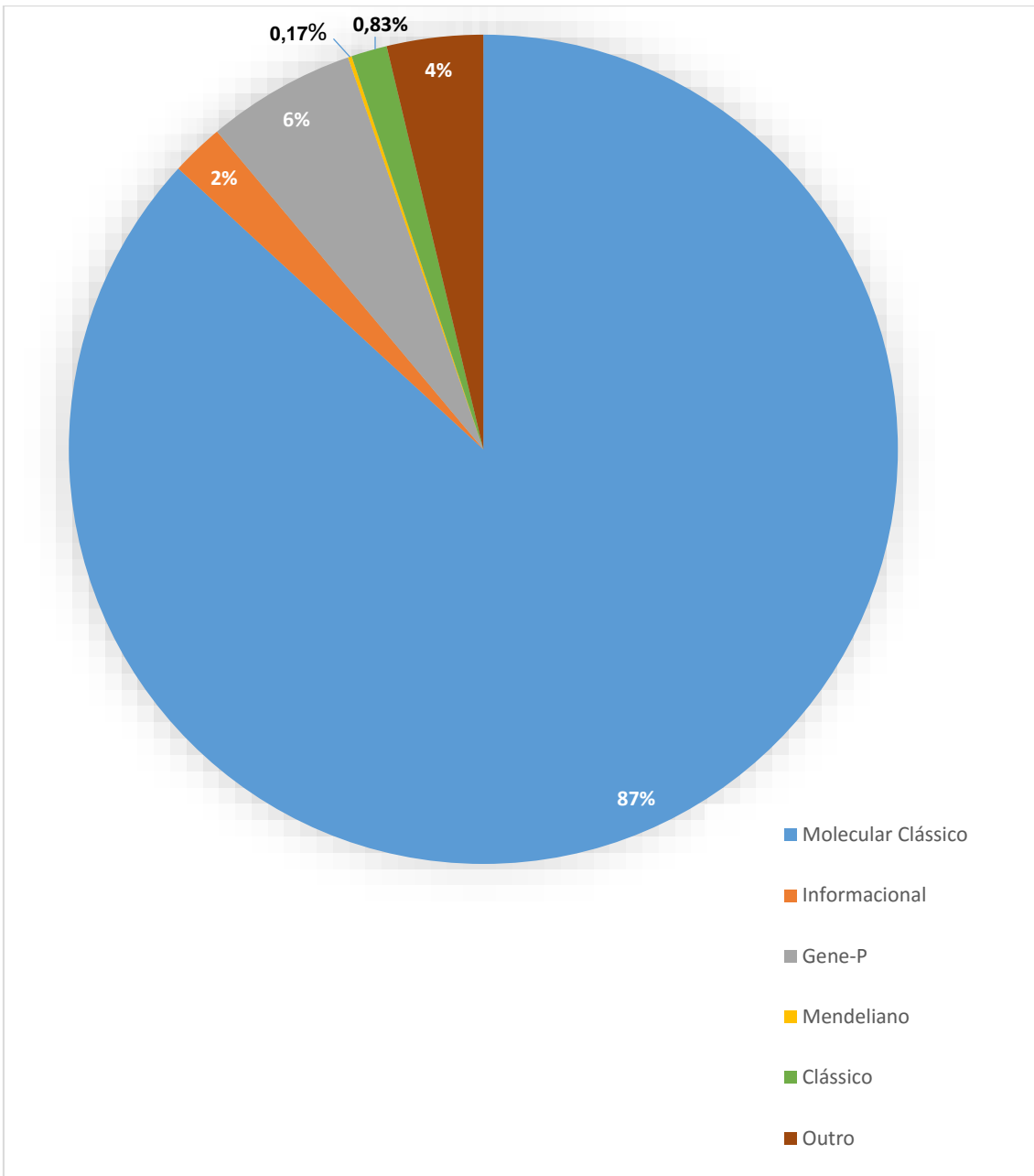


Figura 20: Frequência das categorias de conceitos de gene no livro *Molecular Cell Biology* (LODISH *et al.*, 2013).

CONCEITOS CONTEXTOS	Molecular Clássico	Informacional	Gene-P	Gene-D	Mendeliano	Clássico	Bioquímico-Clássico	Outro
Genética de Microrganismos	27	2	2	0	0	0	0	0
Genética de Eucariotos	223	7	2	0	0	0	0	15
Genética Médica	299	3	58	0	0	0	0	3
Biologia / Genética Molecular	404	8	8	0	1	12	0	23
Biologia Celular	114	6	7	0	0	1	0	8
Engenharia Genética	55	0	1	0	0	0	0	0
Glossário	59	2	1	0	1	6	0	2
TOTAIS	1181	28	79	0	2	19	0	51

Tabela 8: Ocorrência das categorias de conceitos de gene por unidade de contexto no livro *Molecular Cell Biology* (LODISH et al., 2013).

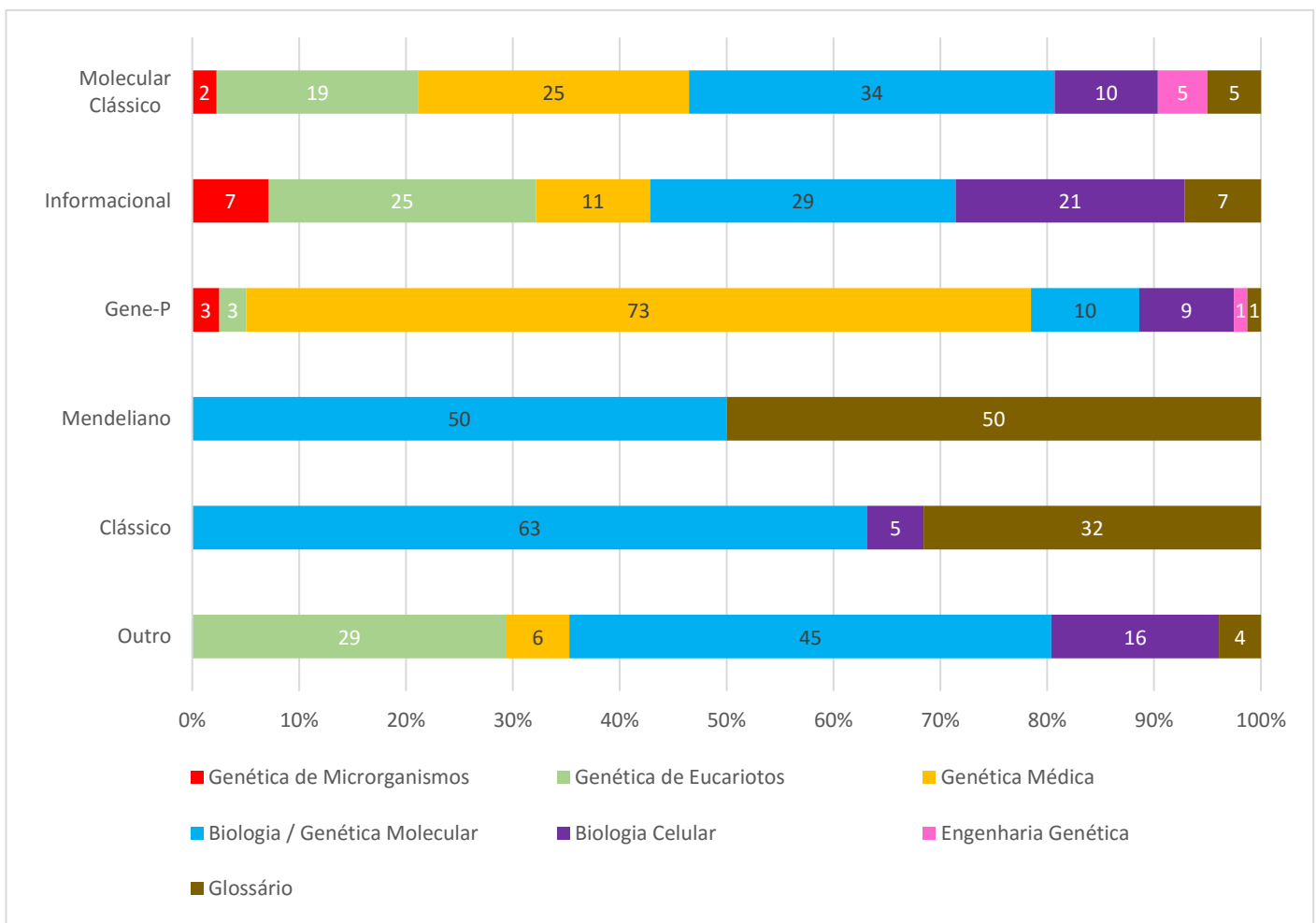


Figura 21: Frequência das categorias de conceitos de gene por unidade de contexto no livro *Molecular Cell Biology* (LODISH *et al.*, 2013).

O conceito clássico de gene foi identificado em 19 unidades de registro (1% do total de unidades no livro), em apenas três contextos: 12 unidades em “biologia/genética molecular” (63%), 6, no “glossário” (32%) e 1, no contexto “biologia celular” (5%). Por sua vez, apenas 2 unidades foram categorizadas como conceito mendeliano, uma no contexto “biologia/genética molecular”, outra no “glossário”. Assim, as ideias do gene como unidade de herança e como unidades distribuídas sequencialmente nos cromossomos, embora pouco frequentes, foram encontradas no contexto do livro em que os autores apresentam definições que esperam que sejam usados pelos leitores, ao interpretar os conteúdos do livro, o que dá mais importância a essas ocorrências.

A categoria gene-P apareceu em todas as unidades de contexto. Sua maior incidência foi, como esperado, no contexto “genética médica” (58 unidades, 73% das ocorrências desse conceito), seguido por “biologia / genética molecular” (8 unidades, 10%) e “biologia celular” (7 unidades). Como discutido anteriormente, esse conceito pode ser usado de modo apropriado em contextos como o da genética médica, sendo mais problemática sua combinação com uma interpretação molecular do gene, focada em mecanismos de ação proximal. O seguinte trecho, encontrado no contexto “genética médica”, ilustra a ocorrência desse conceito no livro:

A maioria das doenças humanas herdadas que são agora compreendidas no nível molecular são doenças monogênicas; isto é, **um estado patológico claramente discernível é produzido por um defeito num gene único.** (LODISH *et al.*, 2013, p.210, **grifo nosso**)<sup>48</sup>

A seguinte unidade de registro, encontrada no contexto “genética de microrganismos”, ilustra uma referência ao gene-P, com um tratamento inadequado de oncogenes como genes que, pura e simplesmente, causariam cânceres, e não como fatores de risco que aumentariam as chances de uma pessoa desenvolver câncer, por um processo complexo, multifatorial e que envolve várias etapas, mesmo nos casos em que há contribuição de vírus na etiologia da doença:

Alguns retrovirus contêm **genes causadores de câncer (oncogenes)**, e células infectadas por tais retrovírus são oncogenicamente transformadas em células tumorais. Estudos de retrovírus oncogênicos (principalmente, vírus de aves e camundongos) revelaram muito sobre os processos que levam à transformação de uma célula normal numa célula cancerosa. (LODISH *et al.*, 2013, p.164, **grifo nosso**)<sup>49</sup>

---

<sup>48</sup> No original: Most of the inherited human diseases that are now understood at the molecular level are monogenetic diseases; that is, a clearly discernible disease state is produced by a defect in a single gene.

<sup>49</sup> No original: Some retroviruses contain cancer-causing genes (oncogenes), and cells infected by such retroviruses are oncogenically transformed into tumor cells. Studies of

A concepção informacional foi identificada em 28 unidades de registro (2% das unidades no livro). Ela só não foi encontrada no contexto “engenharia genética”. No contexto “biologia/genética molecular”, apareceu em 8 unidades (29%), seguido pelos contextos “genética de eucariotos” (7 unidades, 25%) e “biologia celular” (6 unidades, 21%). No trecho abaixo, encontrado no contexto “biologia / genética molecular”, podemos ver que, apesar da baixa frequência da concepção informacional no livro, ela é mobilizada numa definição de gene fornecida pelo livro, mostrando que pode cumprir papel relevante na compreensão do gene que estudantes e professores derivam de seu uso, lado a lado com a ideia do gene como unidade estrutural e funcional, característica do conceito molecular clássico:

A definição mais simples de um gene é uma **“unidade de DNA que contém a informação para especificar a síntese de uma cadeia polipeptídica ou RNA funcional único (tal como um tRNA).** (LODISH *et al.*, 2013, p.124, **grifo nosso**)<sup>50</sup>

O conceito molecular clássico foi encontrado em todos os contextos presentes neste livro didático, sendo o conceito mais utilizado em cada um deles, o que reforça o papel central desse conceito no livro, como principal interpretação fornecida aos professores e estudantes, à qual as demais propriedades atribuídas ao gene, desde diferentes conceitos, são combinadas. A concepção informacional e o conceito molecular clássico, intimamente relacionados, foram empregados de modo mais equitativo nos diferentes contextos. Este último conceito estava mais presente no contexto “biologia/genética molecular” (404 unidades, 34% do total de ocorrência do conceito), seguido por “genética médica” (299 unidades, 25%), “genética de eucariotos” (223 unidades, 19%) e “biologia celular” (114 unidades, 10%). A importância do conceito molecular clássico também é evidenciada pela sua

---

oncogenic retroviruses (mostly viruses of birds and mice) have revealed a great deal about the processes that lead to transformation of a normal cell into a cancer cell.

<sup>50</sup> No original: The simplest definition of a gene is a “unit of DNA that contains the information to specify synthesis of a single polypeptide chain or functional RNA (such as a tRNA).”

ocorrência em trechos nos quais o livro define o que seria o gene, como aquele citado logo acima, e este outro exemplo, no contexto “genética de eucariotos”:

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 (polipeptídio 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, **grifos nossos**)<sup>51</sup>

Desse modo, o livro se compromete com uma definição de gene já apontada como bastante problemática na literatura filosófica (e.g., FOGLE, 1990; KELLER, 2000; EL-HANI, 2007), resultando, por exemplo, em substancial superposição de genes, uma vez que muitas sequências regulatórias (a exemplo de promotores e *enhancers*) estão envolvidos na regulação da expressão de várias regiões codificantes. Além disso, os genes seriam, nesses termos, dificilmente localizáveis no genoma, uma vez que sequências regulatórias podem se encontrar a grandes distâncias da região codificante.

Vale a pena comentar, ainda, que esta é uma definição de gene mantida em várias edições desse livro<sup>52</sup>, assim como em outros livros didáticos (e.g., SINGER; BERG, 1991), não obstante as discussões sobre o problema do gene,

---

<sup>51</sup> No original: In molecular terms, a gene commonly is defined as the entire nucleic acid sequence that is necessary for the synthesis of a functional gene product (polypeptide or RNA). According to this definition, a gene includes more than the nucleotides encoding an amino acid sequence or a functional RNA, referred to as the coding region. A gene also includes all the DNA sequences required for synthesis of a particular RNA transcript, no matter where those sequences are located in relation to the coding region. A gene also includes all the DNA sequences required for synthesis of a particular RNA transcript, no matter where those sequences are located in relation to the coding region.

<sup>52</sup> Desde quando iniciamos investigações sobre a abordagem do conceito de gene em livros didáticos, em 2003, já encontramos esse modo de entender genes em *Molecular Cell Biology* (na quinta edição, do mesmo ano).



que se estenderam no mesmo período à comunidade científica dedicada à genética, biologia molecular e áreas afins.

É importante observar, contudo, que, após essa definição, o livro discorre sobre como o *splicing* alternativo é uma complicação envolvida na definição do que seria um gene, e explicando então que a definição “genômica” de gene (definida no trecho citado acima), que ele também apresenta, é comumente utilizada, malgrado os problemas que a afetam, como comentamos acima:

Dadas essas complicações [*splicing* alternativo] com a **definição genética de um gene [na qual um mRNA codifica uma única proteína]**, a definição genômica esboçada no começo dessa seção é comumente usada [definição apresentada no trecho anterior]. **No caso dos genes que codificam proteínas, um gene é a sequência de DNA transcrita num pré-mRNA precursor, equivalente a uma unidade de transcrição, mais quaisquer outros elementos regulatórios requeridos para a síntese do transcrito primário. As várias proteínas codificadas por mRNAs que sofrem *splicing* alternativo, expressas a partir de um gene, são chamadas isoformas. (LODISH *et al.*, 2013, p.227, grifos nossos)<sup>53</sup>**

No glossário deste livro, o gene é definido como segue:

**Gene: unidade física e funcional da hereditariedade, que carrega informação de uma geração para a próxima. Em**

---

<sup>53</sup> No original: Given these complications with the genetic definition of a gene, the genomic definition outlined at the beginning of this section is commonly used. In the case of protein-coding genes, a gene is the DNA sequence transcribed into a pre-mRNA precursor, equivalent to a transcription unit, plus any other regulatory elements required for synthesis of the primary transcript. The various proteins encoded by the alternatively spliced mRNAs expressed from one gene are called isoforms. É importante notar que o livro não é explícito quanto a qual seria a definição “genética” de gene. Colocamos na tradução entre colchetes nossa interpretação quanto ao significado dessa expressão.

**termos moleculares, é toda a sequência de DNA – incluindo éxons, íntrons, regiões de controle da transcrição – necessária para a produção de um polipeptídeo ou RNA funcional. (LODISH *et al.*, 2013, glossário, grifo nosso)<sup>54</sup>**

Os autores reiteram, assim, o que denominam, no corpo do texto, “definição genômica” de gene, de uma maneira que sobrepõe concepção informacional, conceito molecular clássico e conceito mendeliano de gene.

A Figura 22 apresenta os resultados relativos à sobreposição de conceitos de gene nas unidades de registro encontradas no livro. Todas as unidades de registro com a concepção informacional também trazem o conceito molecular clássico de gene, o que é uma decorrência esperada da relação íntima estabelecida entre a linguagem informacional e este último conceito. Como citado acima, encontramos essa sobreposição numa passagem na qual genes são definidos, no contexto “biologia/genética molecular”:

A vasta maioria dos **genes carrega informação para construir moléculas de proteína**, e são as cópias de RNA de tais genes codificantes de proteínas que constituem as moléculas de mRNA das células. (LODISH *et al.*, 2013, p.124, **grifo nosso**).<sup>55</sup>

Outra importante sobreposição ocorreu entre as unidades com o conceito de gene-P, que foram todas elas também categorizadas como ocorrências do conceito molecular clássico. Isso mostra a combinação da propriedade de determinação de fenótipos e diferenças fenotípicas ao gene molecular, com consequências importantes para o estímulo a estudantes e professores para que assumam visões deterministas genéticas, como já

---

<sup>54</sup> No original: gene: Physical and functional unit of heredity, which carries information from one generation to the next. In molecular terms, it is the entire DNA sequence—including exons, introns, and transcription-control regions— necessary for production of a functional polypeptide or RNA.

<sup>55</sup> No original: The vast majority of genes carry information to build protein molecules, and it is the RNA copies of such protein coding genes that constitute the mRNA molecules of cells.

comentamos. A seguinte unidade de registro, encontrada no contexto “genética médica”, ilustra essa sobreposição:

O primeiro passo típico para decifrar a causa subjacente a qualquer doença humana herdada é identificar o **gene afetado e a sua proteína codificada**. A comparação das sequências de um gene da doença e do seu produto com aquelas de genes e proteínas cuja sequência e função são conhecidos podem fornecer pistas para as causas moleculares e celulares da doença. (LODISH et al., 2013, p.206, **grifo nosso**)<sup>56</sup>

---

<sup>56</sup> No original: The typical first step in deciphering the underlying cause for any inherited human disease is to identify the affected gene and its encoded protein. Comparison of the sequences of a disease gene and its product with those of genes and proteins whose sequence and function are known can provide clues to the molecular and cellular cause of the disease.

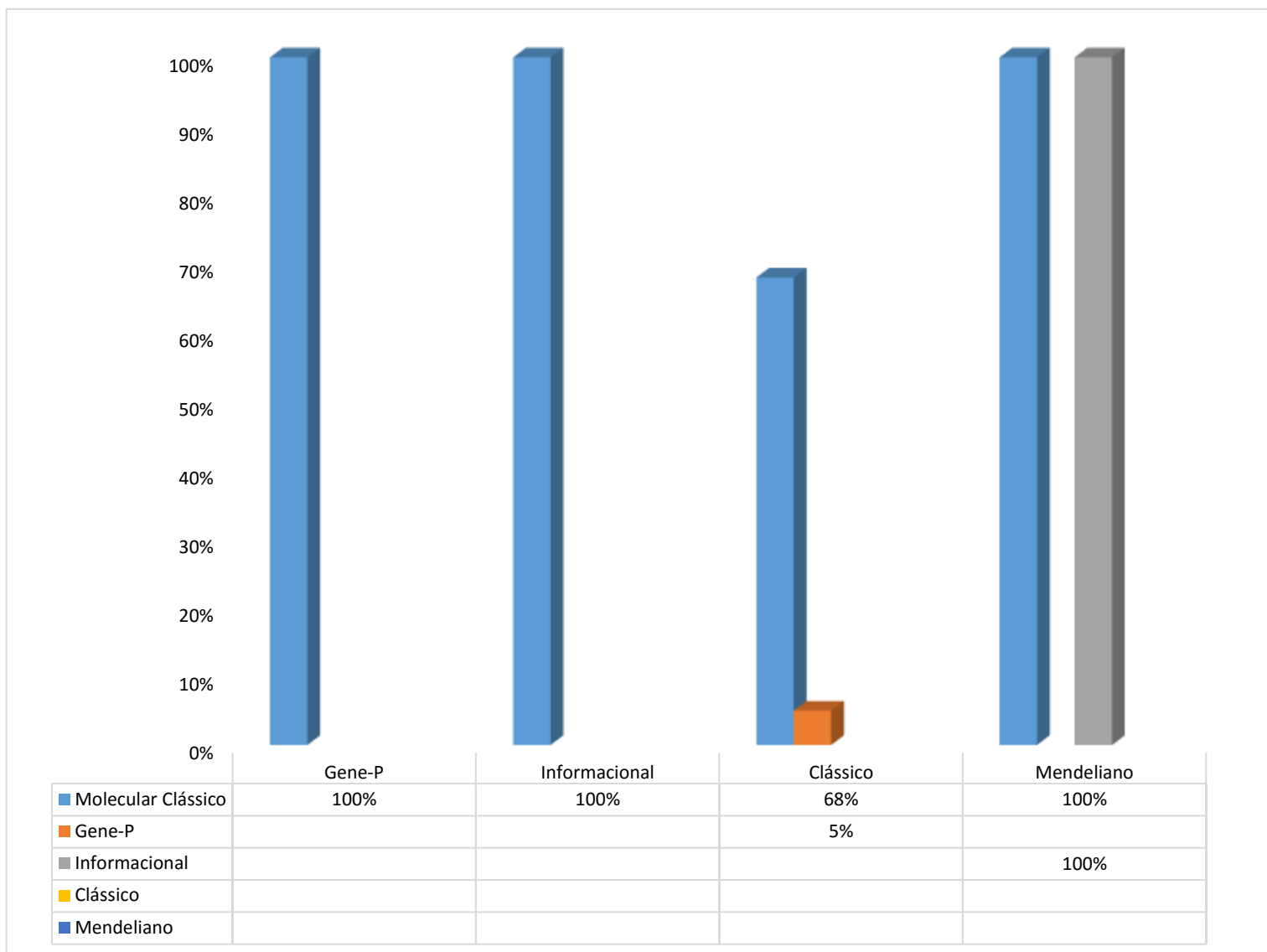


Figura 22: Frequência de sobreposições de conceitos de gene no livro *Molecular Cell Biology* (LODISH *et al.*, 2013).

Nas unidades de registro com o conceito mendeliano, observamos que há uma sobreposição tripla, envolvendo o conceito de gene-P, o conceito molecular clássico e a concepção informacional. O seguinte trecho, extraído do contexto “biologia/genética molecular”, exemplifica essa sobreposição:

A **informação armazenada no DNA** está arranjada em **unidades hereditárias**, conhecidas como genes, que **controlam traços identificáveis de um organismo**. No processo de transcrição, a informação armazenada no DNA é copiada em ácido ribonucleico (RNA), que tem três papéis

distintos na síntese proteica. (LODISH *et al.*, 2013, p.116, **grifo nosso**).<sup>57</sup>

A respeito das funções atribuídas ao gene, observamos na Figura 23 que a função mais encontrada foi “codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNA”, em 1150 unidades de registro (64%), seguida pelas funções “controlar metabolismo celular” (284 unidades, 16%) e “causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica” (276 unidades, 16%). Não foi encontrada a função “propiciar recurso para o desenvolvimento”, o que se justifica, por não termos encontrado o conceito de gene-D. As funções mais atribuídas ao gene estão alinhadas com os conceitos de gene mais frequentes no livro, o conceito molecular clássico e o gene-P.

Podemos observar a distribuição das funções atribuídas ao gene em cada contexto na Tabela 9 e na Figura 24.

---

<sup>57</sup> No original: The information stored in DNA is arranged in hereditary units, known as genes, that control identifiable traits of an organism. In the process of transcription, the information stored in DNA is copied into ribonucleic acid (RNA), which has three distinct roles in protein synthesis.

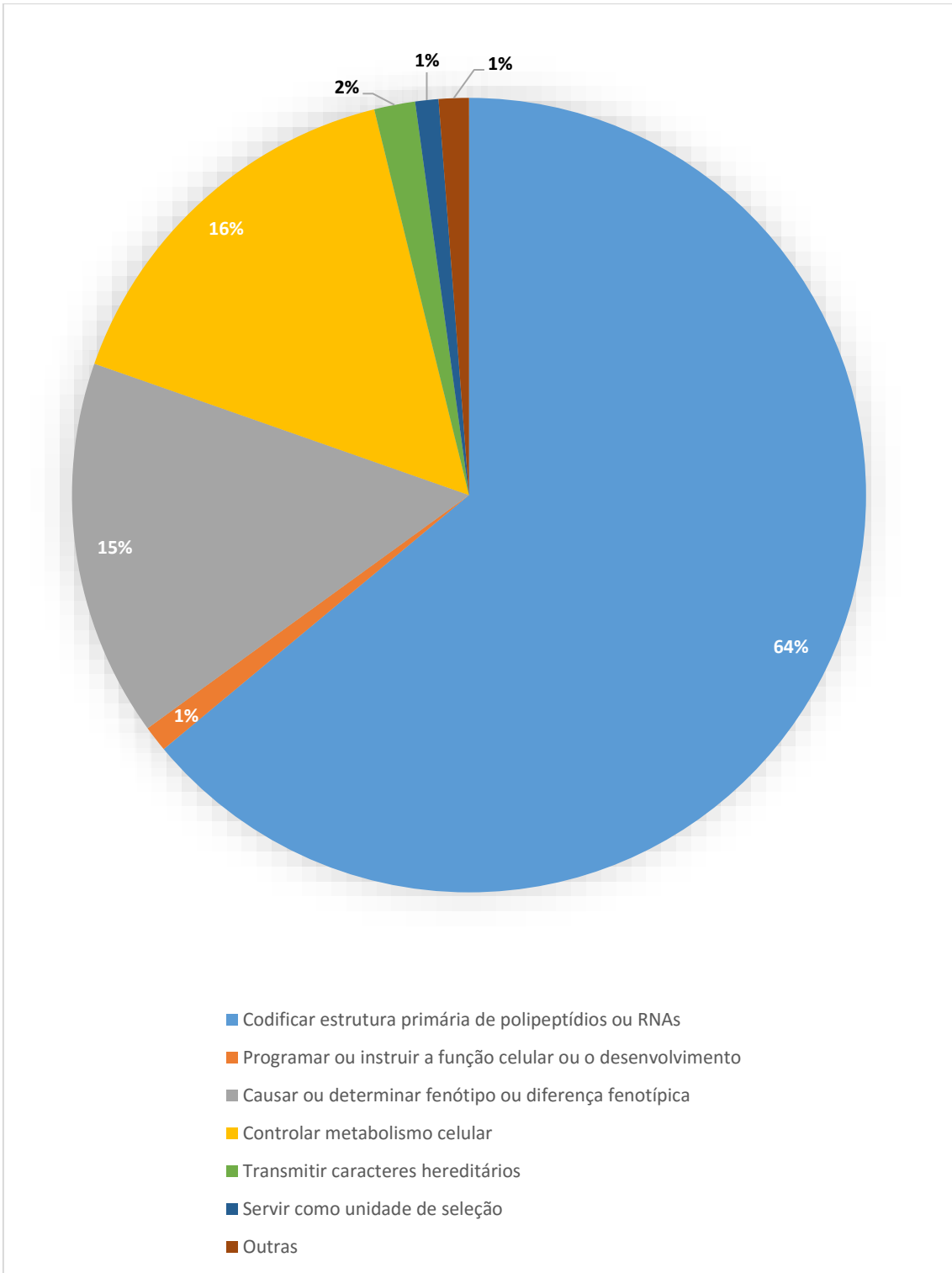


Figura 23: Frequência das funções atribuídas ao gene no livro *Molecular Cell Biology* (LODISH *et al.*, 2013).

FUNÇÕES CONTEXTOS	Codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs	Programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento	Causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica	Propiciar recurso para o desenvolvimento	Controlar metabolismo celular	Transmitir caracteres hereditários	Servir como unidade de seleção	Outras
Genética de Microorganismos	27	0	2	0	9	0	0	0
Genética de Eucariotos	228	6	17	0	46	0	5	1
Genética Médica	298	2	155	0	114	25	0	0
Biologia / Genética Molecular	372	5	57	0	36	4	5	13
Biologia Celular	114	6	27	0	67	0	7	1
Engenharia Genética	52	0	8	0	2	0	0	1
Glossário	59	0	10	0	10	1	0	6
TOTALS	1150	19	276	0	284	30	17	22

Tabela 9: Ocorrência das funções atribuídas ao gene por unidade de contexto no livro *Molecular Cell Biology* (LODISH *et al.*, 2013).

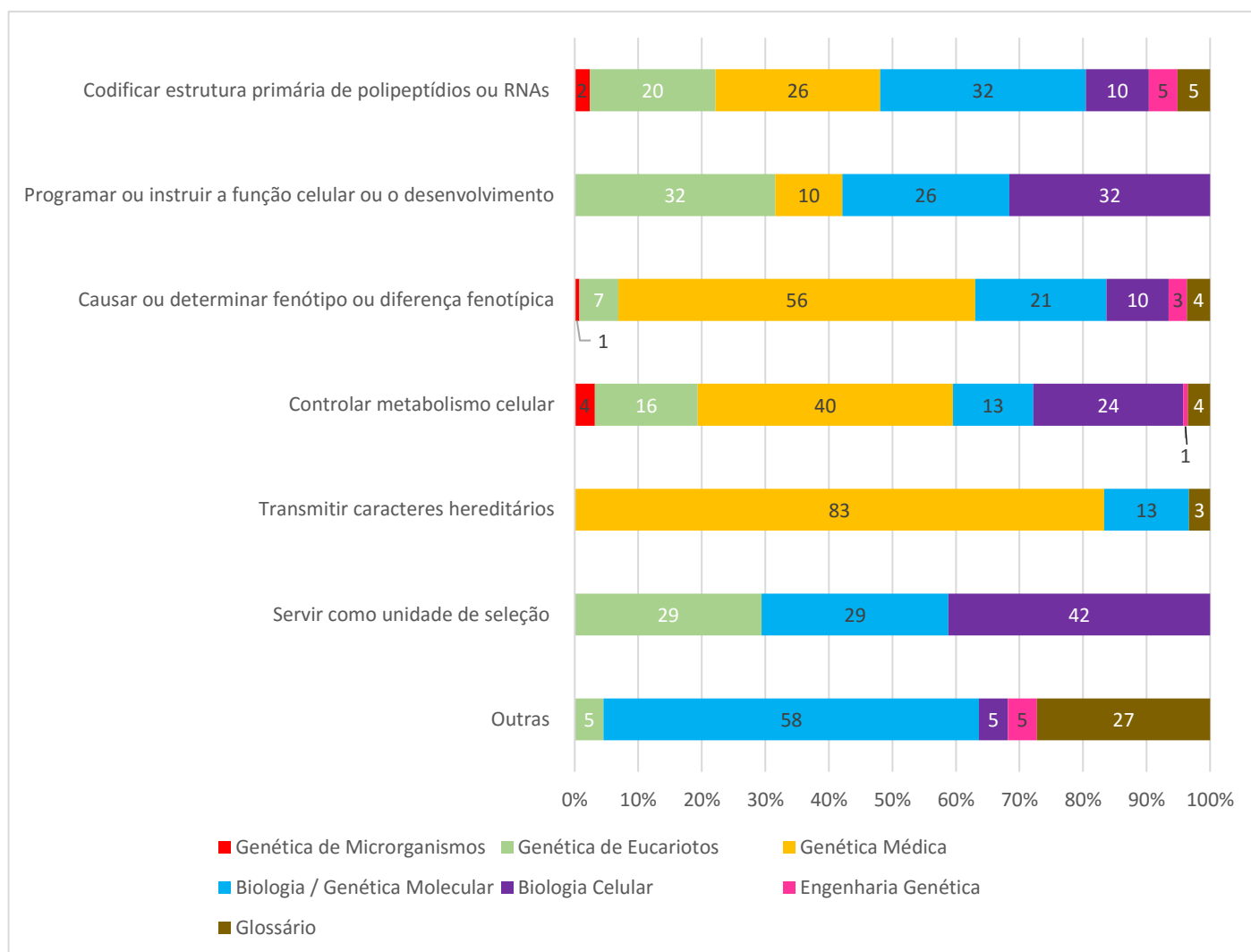


Figura 24: Frequência das categorias de função atribuídas ao gene por unidades de contexto no livro *Molecular Cell Biology* (LODISH *et al.*, 2013).

A função atribuída ao gene de “servir como unidade de seleção” foi identificada em 17 unidades de registro (1% do total de unidades no livro didático). Dessas unidades, 7 (42%) se situam no contexto “biologia celular”, 5 (29%), em “genética de eucariotos” e 5 (29%), em “biologia/genética molecular”.

A função de “transmitir caracteres hereditários” também foi encontrada em 2% do total de unidades no livro (30 unidades), sendo 83% delas (25 unidades) no contexto “genética médica” e 13% (4 unidades) no contexto “biologia/genética molecular”.

A função atribuída ao gene de “programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento” correspondeu a 1% do total de unidades de registro (19



unidades), sendo 6 unidades (32%) encontradas no contexto “genética de eucariotos”, outras 6 unidades de registro (32%) no contexto “biologia celular”, e 5 unidades de registro (26%) na unidade de contexto “biologia/genética molecular”. O seguinte trecho, encontrado no contexto “Biologia celular”, ilustra esta visão do desenvolvimento que atribui aos genes um papel mais fundamental do que a outros recursos desenvolvimentais:

O plano corporal embrionário, o padrão espacial dos tipos celulares (tecidos) e das partes corporais, emerge de duas influências: **um programa de genes que especifica o padrão do corpo, e interações locais que induzem diferentes partes do programa.** (LODISH *et al.*, 2013, p. 18, **grifo nosso**)<sup>58</sup>

Já a função de “controlar o metabolismo celular” (identificada em 284 unidades, 16%) foi encontrada em todas as unidades de contexto, com maior incidência no contexto “genética médica”, com 114 unidades (40%), seguida de “biologia celular”, com 67 unidades (24%) e “genética de eucariotos” com 46 (16%). O seguinte trecho, retirado do contexto “genética médica”, ilustra essa atribuição de função ao gene (sobrepota à função de “codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs”):

Por exemplo, a maioria dos cânceres tem mutações inativadoras nos genes que codificam para uma ou mais proteínas que normalmente restringem a progressão através da fase G1 do ciclo celular ou mutações ativadoras em **genes que codificam proteínas que impulsionam as células através do ciclo celular.** (LODISH *et al.*, 2013, p.1124, **grifo nosso**)<sup>59</sup>

---

<sup>58</sup> No original: The embryonic body plan, the spatial pattern of cell types (tissues) and body parts, emerges from two influences: a program of genes that specify the pattern of the body, and local cell interactions that induce different parts of the program.

<sup>59</sup> No original: For example, most cancers have inactivating mutations in the genes coding for one or more proteins that normally restrict progression through the G1 stage of the cell cycle or activating mutations in genes coding for proteins that drive the cells through the cell cycle.

A função de “causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica” foi atribuída aos genes em 155 unidades de registro (56% do total de ocorrências dessa função) no contexto “genética médica”, na qual o conceito de gene correspondente, gene-P, é comum, e 57 unidades (21%) no contexto “biologia/genética molecular”, na qual este conceito de gene é encontrado combinado ao conceito molecular clássico. Essa função foi encontrada em unidades de registro em todos os contextos, mostrando com a ideia de determinação de fenótipos por genes é uma das mensagens centrais do livro para os professores e estudantes que o utilizarem.

A função “codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs” também esteve presente em todos os contextos desse livro, sendo, em todos os contextos, a mais utilizada, mostrando como o conceito molecular clássico é central no livro. No contexto “biologia/genética molecular”, esta função aparece em 372 unidades de registro (32%), seguido por “genética médica” (298 unidades, 26%), “genética de eucariotos” (228 unidades, 20%) e “biologia celular” (114 unidades, 10%). No trecho abaixo temos um exemplo dessa função atribuída ao gene no contexto “biologia/genética molecular”.

**Cada gene é transcrito a partir de seu próprio promotor, produzindo um mRNA, que geralmente é traduzido para produzir um único polipeptídio. (LODISH *et al.*, 2013, p.127, grifo nosso)<sup>60</sup>**

As sobreposições das funções atribuídas ao gene são mostradas na Figura 25.

Todas as funções atribuídas ao gene encontradas nesse livro foram sobrepostas à função “codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs”, característica do conceito molecular clássico, em frequências elevadas. No trecho abaixo, temos um exemplo de tais sobreposições, numa passagem que combina as funções “controlar metabolismo celular” e “codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs”:

---

<sup>60</sup> No original: Each gene is transcribed from its own promoter, producing one mRNA, which generally is translated to yield a single polypeptide.

Eles buscaram identificar **genes importantes na regulação do ciclo celular, durante o qual uma célula sintetiza proteínas, replica seu DNA e então sofre divisão mitótica, com cada célula filha recebendo uma cópia de cada cromossomo.** (LODISH et al., 2013, p.176, **grifo nosso**)<sup>61</sup>

---

<sup>61</sup> No original: They set out to identify genes important in regulation of the cell cycle during which a cell synthesizes proteins, replicates its DNA, and then undergoes mitotic cell division, with each daughter cell receiving a copy of each chromosome.

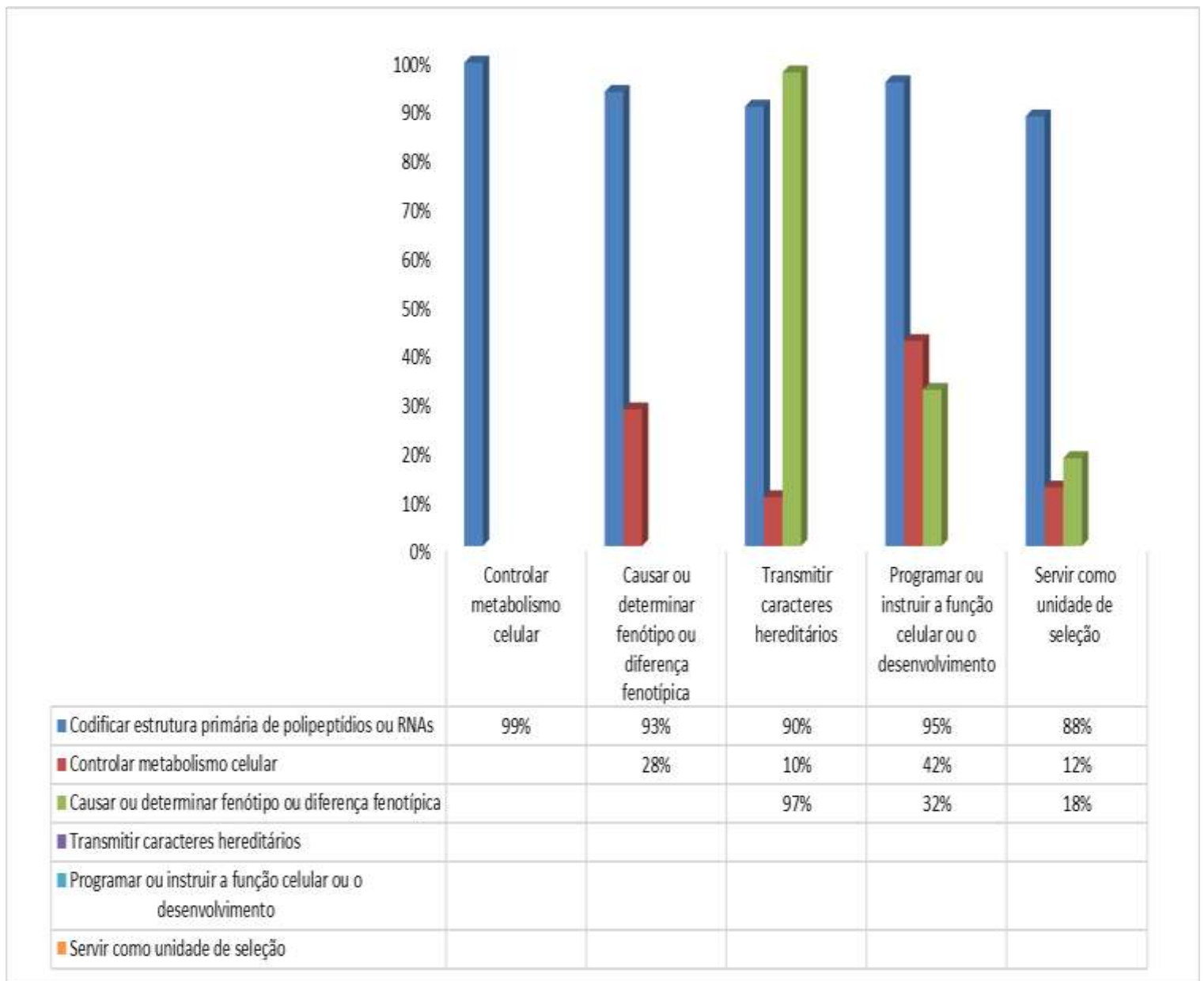


Figura 25: Frequência de sobreposições das funções atribuídas ao gene no livro *Molecular Cell Biology* (LODISH *et al.* 2013).

Abaixo, temos um exemplo de sobreposição da função de “programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento” à função “codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs”:

A informação genética carregada pelo DNA reside em sua sequências, a ordem linear de nucleotídeos ao longo de uma fita. **Segmentos específicos de DNA, chamados de genes,**

**carregam instruções para fazer proteínas específicas.**  
(LODISH *et al.*, 2013, p. 9, **grifo nosso**)<sup>62</sup>

Podemos observar, ainda, que a função atribuída ao gene de “transmitir caracteres hereditários” também foi sobreposta à função “causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica”, em 97%, como ilustra o exemplo abaixo:

Uma maneira típica de determinar a frequência de recombinação entre dois genes é cruzar um parental diploide heterozigótico em cada um dos loci genéticos com outro parental homozigótico para cada gene. **Para tal cruzamento, a proporção de progênie recombinante é prontamente determinada porque fenótipos recombinantes diferirão dos fenótipos parentais.**  
(LODISH *et al.*, 2013, p.181, **grifo nosso**)<sup>63</sup>

Nossa busca pela palavra “modelo” teve resultados apenas para organismo modelos, modelos de representação de estruturas (proteínas, organelas celulares, entre outras), modelo do mosaico-fluido da membrana celular, modelo de regulação do ciclo celular, modelo da dupla hélice de Watson e Crick, modelo de replicação do DNA. Os autores não abordam o gene e a função gênica como modelos.

“Herdabilidade” não está presente nos livros, mas o prefixo “herdab” aparece para se referir à mutações e à doenças herdáveis. O ramo de “genética quantitativa” também não estava presente nas discussões do livro e “quantitativ” apareceu apenas para se referir à RT-PCR quantitativo e mensurações quantitativas. “Gêmeos” e “adotados” aparecem em outros contextos que não nos interessam nesse momento.

---

<sup>62</sup> No original: The genetic information carried by DNA resides in its sequence, the linear order of nucleotides along a strand. Specific segments of DNA, termed genes, carry instructions for making specific proteins.

<sup>63</sup> A typical way to determine the frequency of recombination between two genes is to cross one diploid parent heterozygous at each of the genetic loci to another parent homozygous for each gene. For such a cross, the proportion of recombinant progeny is readily determined because recombinant phenotypes will differ from the parental phenotypes.

Esse livro traz uma pequena abordagem sobre *genome-wide association studies*, no capítulo de técnicas genéticas moleculares (capítulo 5, p.211), dizendo que estes são procedimentos “estatísticos de correlação entre herança de uma região particular no cromossomo e a propensão de ter a doença”<sup>64</sup> (LODISH et al., 2013, p.211). Durante a explicação sobre o GWAS, os autores deixam claro que os estudos examinam um vasto número de marcadores de DNA em populações de indivíduos tanto com a doença quanto sem doença (população controle) para tentar associar a ocorrência da doença com uma região no cromossomo. A explicação sobre GWAS se faz importante para que os leitores entendam que esses estudos são feitos em populações e que a correlação entre o gene e o fenótipo não é simples, porém ainda falta aqui uma discussão de que os resultados desses trabalhos não devem ser ingenuamente trazidos ao nível individual, ou seja, deve-se haver uma desconstrução de que essa associação pode ser feita para cada indivíduo.

---

<sup>64</sup> No original: “...statistical correlation between inheritance of a particular region of a chromosome and the propensity to have a disease...”

## Cell and Molecular Biology

O livro didático *Cell and Molecular Biology* (KARP, 2013) foi o quarto livro mais indicado em ementas, estando presente em 35 delas, sendo 1 ementa na língua portuguesa, 12 ementas na língua inglesa e 22 ementas na língua espanhola. Com 864 páginas, é um livro recomendado para disciplinas introdutórias de biologia celular e molecular. Neste livro, foram categorizadas 680 unidades de registro, distribuídas em nove unidades de contexto (Figura 26).

Podemos observar que a predominância das unidades de registro se deu no contexto “genética médica”, com 207 unidades (31%). O segundo contexto com mais unidades foi “biologia/genética molecular” (184, 27%) e o terceiro, “biologia celular” (71 unidades, 10%).

A categorização dos conceitos de gene nas diversas unidades de registro (Figura 27) mostra, mais uma vez, a predominância do conceito molecular clássico de gene, que é observado em 80% das unidades de registro, ou seja, 628 unidades apresentaram este conceito. Em seguida, temos o conceito de gene-P, com 43 unidades, e a concepção informacional, com 37 unidades, cada uma representando 5% do total de unidades. Mais uma vez, o conceito de gene-D não foi encontrado.

A distribuição dos conceitos de gene em cada unidade de contexto pode ser vista na Tabela 10 (quantidade de ocorrências) na Figura 28 (frequência).

Em 4 unidades (1%), o conceito bioquímico-clássico foi encontrado, sendo 3 no contexto “biologia/genética molecular” (75%) e uma unidade no contexto “biologia celular” (25%). O conceito clássico foi identificado em 27 unidades (3% do total de unidades no livro (27 unidades), sendo 81% dessas unidades (22) no contexto “biologia/genética molecular”, mostrando nesses casos um recurso à ideia do gene como unidades arranjadas de maneira sequencial no cromossomo, que seria, então, como um “colar de contas”.

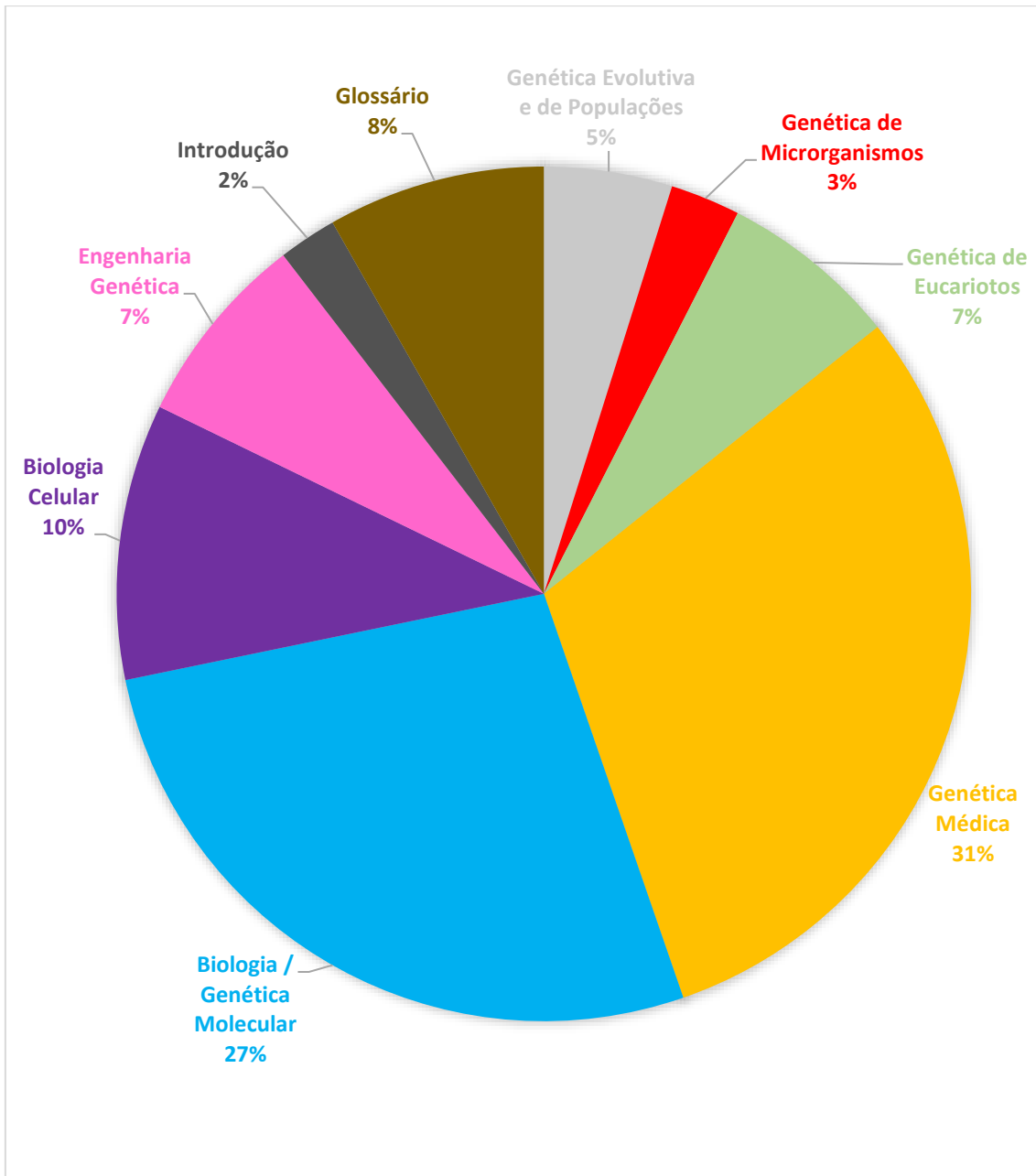


Figura 26: Distribuição das unidades de registro por unidade de contexto no livro *Cell and Molecular Biology* (KARP, 2013).



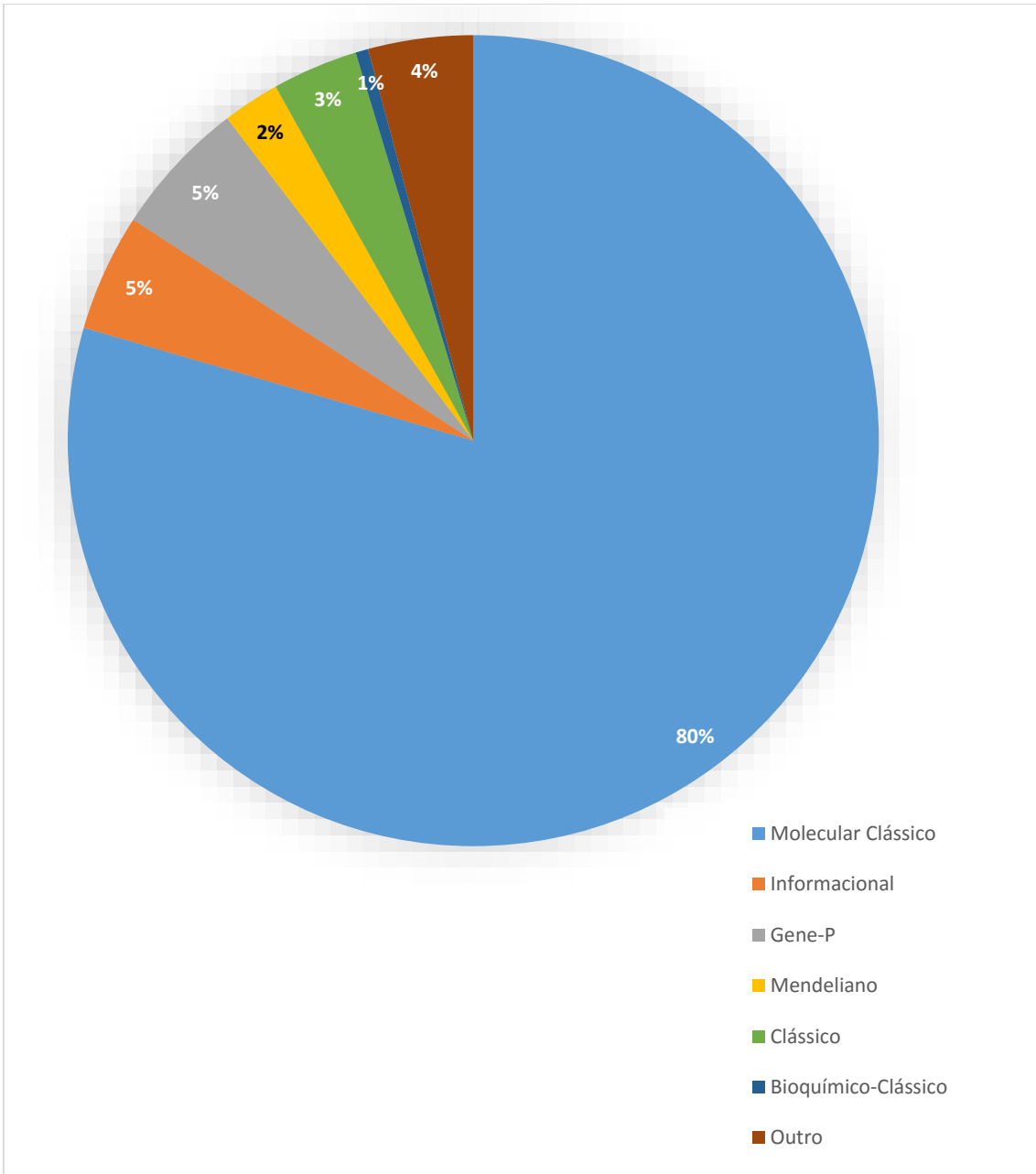


Figura 27: Frecuência dos conceitos de gene no livro *Cell and Molecular Biology* (KARP, 2013).

CONCEITOS CONTEXTO	Molecular Clássico	Informacional	Gene-P	Gene-D	Mendeliano	Clássico	Bioquímico-Clássico	Outro
Genética Evolutiva e de Populações	33	0	3	0	0	0	0	1
Genética de Microrganismos	18	1	0	0	0	0	0	0
Genética de Eucariotos	43	1	1	0	2	2	0	3
Genética Médica	205	2	35	0	3	0	0	0
Biologia / Genética Molecular	181	18	3	0	1	1	3	8
Biologia Celular	39	7	1	0	11	22	1	10
Engenharia Genética	50	0	0	0	0	0	0	1
Introdução	11	7	0	0	0	0	0	1
Glossário	48	1	0	0	2	2	0	9
TOTAIS	628	37	43	0	18	27	4	33

Tabela 10: Ocorrência das categorias de conceitos de gene por unidade de contexto no livro *Cell and Molecular Biology* (KARP, 2013).

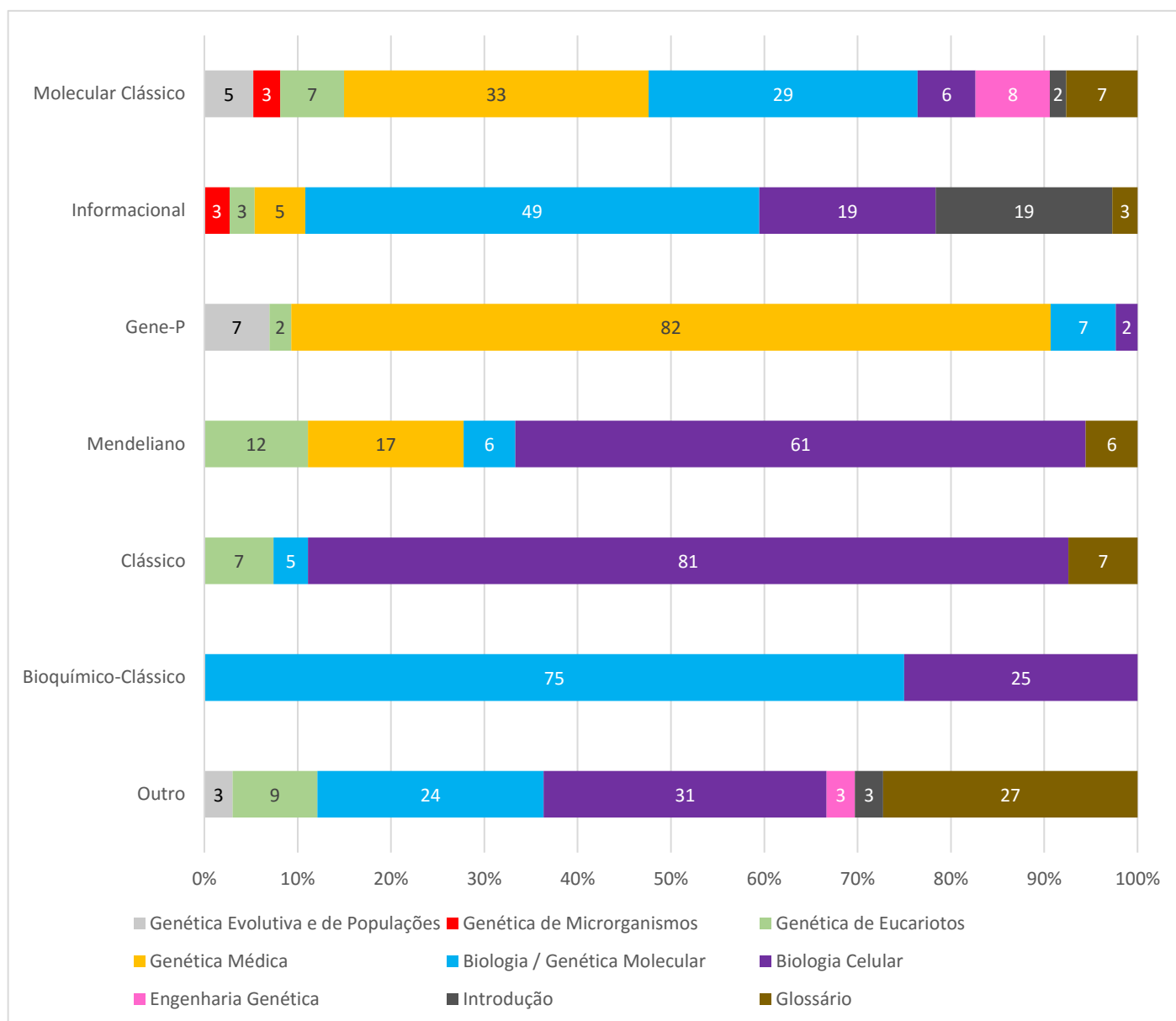


Figura 28: Frequência das categorias de conceitos de gene por unidade de contexto no livro *Cell and Molecular Biology* (KARP, 2013).

O conceito mendeliano esteve presente em 18 unidades de registro (2% do total no livro didático), sendo 11 delas (61%) no contexto “biologia celular”, seguido pelo contexto “genética médica”, com 3 unidades (17%). Como exemplo da ocorrência desse conceito, podemos citar o trecho abaixo, situado neste último contexto:

A herança de desordens mitocondriais contrasta de várias maneiras da **herança mendeliana de genes nucleares**. As

mitocôndrias presentes nas células de um embrião humano são derivadas exclusivamente das mitocôndrias que estavam presentes no ovo no momento da concepção, sem qualquer contribuição do espermatozoides fertilizante. (KARP, 2013, p.208, **grifo nosso**).<sup>65</sup>

O conceito de gene-P foi identificado, predominantemente, no contexto “genética médica” (35 unidades, 82%), como esperado, dado o papel desse conceito nos métodos e nas explicações características desse campo. Podemos observar no trecho abaixo um exemplo de gene-P extraído do contexto “genética médica”, no qual mais uma vez temos a simples referência a oncogenes como “genes de cânceres”, o que induz a equívocos se aplicado num contexto proximal, focado na ação gênica, mesmo se usado entre aspas, por favorecer que se perca de vista a relação complexa entre material genético, expressão gênica e desenvolvimento do fenótipo (nesse caso, patológico), embora possa cumprir um papel numa visão mais distal, focada no fenótipo, por exemplo, numa análise da distribuição de cânceres numa genealogia:

Em conjunto, mais de 350 genes diferentes foram identificados como “**genes de câncer**”, isto é, genes que, segundo se pensa, têm algum papel causal no desenvolvimento de pelo menos um tipo de malignidade. Ao longo dos últimos poucos anos, um esforço coordenado foi feito para determinar quais desses genes estão alterados – por mutação pontual, translocação, deleção ou duplicação – em vários tipos de tumores. (KARP, 2013, p.683).<sup>66</sup>

---

<sup>65</sup> No original: The inheritance of mitochondrial disorders contrasts in several ways with the Mendelian inheritance of nuclear genes. The mitochondria present in the cells of a human embryo are derived exclusively from mitochondria that were present in the egg at the time of conception without any contribution from the fertilizing sperm.

<sup>66</sup> No original: Taken together, more than 350 different genes have been identified as “cancer genes,” that is, genes that are thought to have some causal role in the development of at least one type of malignancy. Over the past few years a concerted effort has been made to determine which of these genes are altered —either by point mutation, translocation, deletion, or duplication — in various types of tumors.

No caso da concepção informacional, 48% das unidades de registro (18) foram identificadas no contexto “biologia/genética molecular”, 19% (7) no contexto “biologia celular” e 19% (7) no contexto “introdução”. Era esperado encontrar tal concepção nesses contextos, por ela ser comumente utilizada para introduzir uma discussão sobre genes e por ela ser característica do modelo de função gênica dominante há mais de meio século na biologia celular e molecular, o modelo molecular-informacional (SANTOS *et al.*, 2012).

O conceito molecular clássico foi o único conceito encontrado em todas as unidades de contexto do livro didático, sendo em todos eles o mais utilizado, o que mostra, mais uma vez, ser esta a interpretação mais fundamental dos genes apresentada a professores e estudantes no livro. No caso desse conceito, 33% das unidades (205 unidades) em que foi encontrado se situavam no contexto “genética médica” e 29% (181 unidades), no contexto “biologia/genética molecular”. Um número menor de unidades foi encontrado nos demais contextos.

No glossário, quando o autor se propõe a definir gene, encontramos uma mistura entre conceito mendeliano, concepção informacional, gene-P e conceito molecular clássico, com conotações deterministas:

Genes: Em termos não-moleculares, uma **unidade de herança que governa o caráter de um traço particular**. Em termos moleculares, um **segmento de DNA contendo a informação para um polipeptídeo ou molécula de RNA única**, incluindo regiões transcritas mas não-codificantes. (KARP, 2013, glossário, **grifos nossos**)<sup>67</sup>

Essa definição mostra claramente a mistura de propriedades atribuídas ao gene em diferentes conceitos sobre as bases de uma interpretação molecular.

---

<sup>67</sup> No original: Genes: In nonmolecular terms, a unit of inheritance that governs the character of a particular trait. In molecular terms, a segment of DNA containing the information for a single polypeptide or RNA molecule, including transcribed but non-coding regions.

Em outro trecho, assumindo uma perspectiva histórica, o autor do livro em análise mostra como o conceito de gene já sofreu alterações ao longo do tempo, mas de uma maneira que culmina no conceito molecular clássico, superpondo a ele uma visão determinista que decorre da presença simultânea do gene-P no mesmo argumento<sup>68</sup>:

De muitas maneiras, **o progresso na biologia ao longo do século passado se reflete em nosso conceito mutável de gene**. Em consequência do trabalho de Mendel, os biólogos aprenderam que os genes são elementos discretos que governam o surgimento de traços específicos. Se tivesse a oportunidade, **Mendel poderia ter argumentado a favor do conceito de que um gene determina um traço**. Boveri, Weismann, Sutton e seus contemporâneos descobriram que genes têm uma corporificação física como partes do cromossomo. Morgan, Sturtevant e colaboradores demonstraram que genes têm endereços específicos – eles residem em localizações particulares em cromossomos particulares, e esses endereços permanecem constantes de um indivíduo de uma espécie para o seguinte. Griffith, Avery, Hershey e Chase demonstraram que **genes eram compostos por DNA e Watson e Crick resolveram o quebra-cabeça da estrutura do DNA, que explicou como essa macromolécula notável poderia codificar informação hereditária**. (KARP, 2013, p.426, **grifos nossos**)<sup>69</sup>

---

<sup>68</sup> Vale a pena notar, além disso, que o livro se compromete com uma ideia histórica anacrônica e equivocada, que atribui a Mendel desenvolvimentos ulteriores ao seu trabalho, decorrente de uma reinterpretação de seu trabalho em outro contexto científico, na virada do século XIX para o XX (ver KAMPOURAKIS, 2013; EL-HANI, 2015), bem como com a ideia, igualmente anacrônica, de que uma visão realista do gene já estaria presente nos primeiros anos da primeira década do século XX, quando ainda predominava uma visão instrumentalista sobre o gene (FALK, 1986).

<sup>69</sup> No original: In many ways, progress in biology over the past century is reflected in our changing concept of the gene. As the result of Mendel's work, biologists learned that genes are discrete elements that govern the appearance of specific traits. Given the opportunity, Mendel might have argued for the concept that one gene determines one trait. Boveri, Weismann, Sutton, and their contemporaries discovered that genes have a

Em outros trechos, também no contexto “biologia/genética molecular”, o autor aponta para fenômenos que desafiam o conceito molecular clássico, como os genes interrompidos e o *splicing* alternativo, mas considera de forma tímida suas implicações conceituais, sem estender-se no que elas poderiam implicar em termos de mudanças mais extensivas de nosso entendimento do gene (como mostra o fato de que, ao fim e ao cabo, ele mantém uma relação unitária entre DNA e polipeptídeo) e sem deter-se em reações a tais desafios:

**Uma das mais importantes revisões em nosso conceito de gene veio à tona no final dos anos 1970**, com a descoberta de que as regiões codificantes de um gene não formavam uma sequência contínua de nucleotídeos. As primeiras observações a esse respeito foram feitas em estudos da transcrição do genoma do adenovírus, nos quais foi encontrado que a porção terminal de um número de diferentes RNAs mensageiros era composta da mesma sequência de nucleotídeos, que é codificada por vários segmentos descontínuos no DNA. As regiões entre as sequências codificantes são chamadas de sequências intervenientes, ou íntrons. Uma condição similar foi logo encontrada em genes celulares, como aqueles que codificam globina e ovalbumina. Em cada caso, as regiões do DNA que codificam porções do polipeptídeo (éxons) são separadas umas das outras por regiões não-codificantes (os íntrons). **Análise subsequente indicou que o gene inteiro é transcrito num transcrito primário. As regiões correspondentes aos íntrons são subsequentemente excisadas do pre-mRNA e segmentos codificantes adjacentes são ligados uns aos outros.** Esse processo de

---

physical embodiment as parts of the chromosome. Morgan, Sturtevant, and colleagues demonstrated that genes have specific addresses—they reside at particular locations on particular chromosomes, and these addresses remain constant from one individual of a species to the next. Griffith, Avery, Hershey, and Chase demonstrated that genes were composed of DNA, and Watson and Crick solved the puzzle of DNA structure, which explained how this remarkable macromolecule could encode heritable information.

excisão e ligação é chamado de *splicing* de RNA. (KARP, 2013, p.480, **grifos nossos**)<sup>70</sup>

Beadle e Tatum começaram irradiando mais de mil células. Dois dos esporos comprovaram ser incapazes de crescer no meio mínimo: um necessitava de piridoxina (vitamina B6) e o outro necessitava de tiamina (vitamina B1). Eventualmente, a descendência de cerca de 100.000 esporos irradiados foi testada e dezenas de mutantes foram isolados. Cada mutante tinha um defeito gênico que resultava em uma deficiência enzimática que impedia as células de catalisar uma reação metabólica particular. Os resultados eram claros: um gene carrega a informação para a construção de uma enzima particular. Essa conclusão se tornou conhecida como a hipótese "um gene-uma enzima". Uma vez que se aprendeu que enzimas são frequentemente compostas de mais de um polipeptídeo, cada um deles codificado por seu próprio gene, o conceito foi modificado para "um gene-um polipeptídeo". Embora essa relação permaneça uma aproximação íntima da função básica de um gene, ela também foi modificada devido à descoberta de que um gene único frequentemente gera uma variedade de polipeptídeos, principalmente como resultado do *splicing* alternativo (...). Também se tornaria aparente que descrever um gene estritamente como um depósito de informação para polipeptídeos é muito estreito como uma definição. Muitos genes

---

<sup>70</sup> No original: One of the most important revisions in our concept of the gene came in the late 1970s with the discovery that the coding regions of a gene did not form a continuous sequence of nucleotides. The first observations in this regard were made on studies of transcription of the adenovirus genome in which it was found that the terminal portion of a number of different messenger RNAs are composed of the same sequence of nucleotides that is encoded by several discontinuous segments in the DNA. The regions between the coding segments are called intervening sequences, or introns. A similar condition was soon found to exist for cellular genes, such as those that code for -globin and ovalbumin. In each case, the regions of DNA that encode portions of the polypeptide (the exons) are separated from one another by noncoding regions (the introns). Subsequent analysis indicated that the entire gene is transcribed into a primary transcript. The regions corresponding to the introns are subsequently excised from the pre-mRNA, and adjacent coding segments are ligated together. This process of excision and ligation is called RNA splicing.



codificam moléculas de RNA que, em vez de conter informação para a síntese polipeptídica, funcionam como RNAs em seu próprio direito. **Com isso em mente, poderia ser melhor definir um gene como um segmento de DNA que contém a informação para uma cadeia polipeptídica única, ou para um ou mais RNAs funcionais.** (KARP, 2013, p.428, **grifos nossos**)<sup>71</sup>

Quando o livro trata de rearranjos genômicos no sistema imune, uma curta menção a suas implicações para o conceito de gene é feita, quando se faz referência num contexto histórico à hipótese “dois genes-um polipeptídio”, mas sem uma discussão mais profunda sobre as mesmas:

Em 1965, William Dreyer do Instituto de Tecnologia da Califórnia e J. Claude Bennett da Universidade do Alabama propuseram a hipótese “**dois genes – um polipeptídio**” para explicar a estrutura dos anticorpos. Em essência, Dreyer e Bennett propuseram que cada cadeia de um anticorpo é codificada por dois genes separados – um gene C e um gene V – que de algum modo se combinam para formar um “gene”

---

<sup>71</sup> No original: Beadle and Tatum began by irradiating over a thousand cells. Two of the spores proved unable to grow on the minimal medium: one needed pyridoxine (vitamin B6), and the other needed thiamine (vitamin B1). Eventually, the progeny of about 100,000 irradiated spores were tested, and dozens of mutants were isolated. Each mutant had a gene defect that resulted in an enzyme deficiency that prevented the cells from catalyzing a particular metabolic reaction. The results were clear-cut: a gene carries the information for the construction of a particular enzyme. This conclusion became known as the “one gene–one enzyme” hypothesis. Once it was learned that enzymes are often composed of more than one polypeptide, each of which is encoded by its own gene, the concept became modified to “one gene–one polypeptide. "Although this relationship remains a close approximation of the basic function of a gene, it too has had to be modified owing to the discovery that a single gene often generates a variety of polypeptides, primarily as the result of alternative splicing (...). It would also become apparent that describing a gene strictly as an information store for polypeptides is far too narrow of a definition. Many genes encode RNA molecules that, rather than containing information for polypeptide synthesis, function as RNAs in their own right. With this in mind, it might be best to define a gene as a segment of DNA that contains the information for either a single polypeptide chain or for one, or more, functional RNAs.

**contínuo que codifica uma cadeia leve ou pesada. (KARP, 2013, p.713, grifo nosso).<sup>72</sup>**

Neste trecho, podemos mais uma vez ver a consideração bastante tímida dada nesse livro às consequências de fenômenos que desafiam o conceito molecular clássico. Afinal, não se vai além de colocar o termo “gene” entre aspas nesse trecho e da menção à hipótese “dois genes – um polipeptídio”.

Na Figura 29, são apresentadas as sobreposições dos conceitos de gene nas unidades de registro.

---

<sup>72</sup> No original: In 1965, William Dreyer of the California Institute of Technology and J. Claude Bennett of the University of Alabama put forward the “two genes – one polypeptide” hypothesis to account for antibody structure. In essence, Dreyer and Bennett proposed that each antibody chain is encoded by two separate genes — a C gene and a V gene — that somehow combine to form one continuous “gene” that codes for a single light or heavy chain.

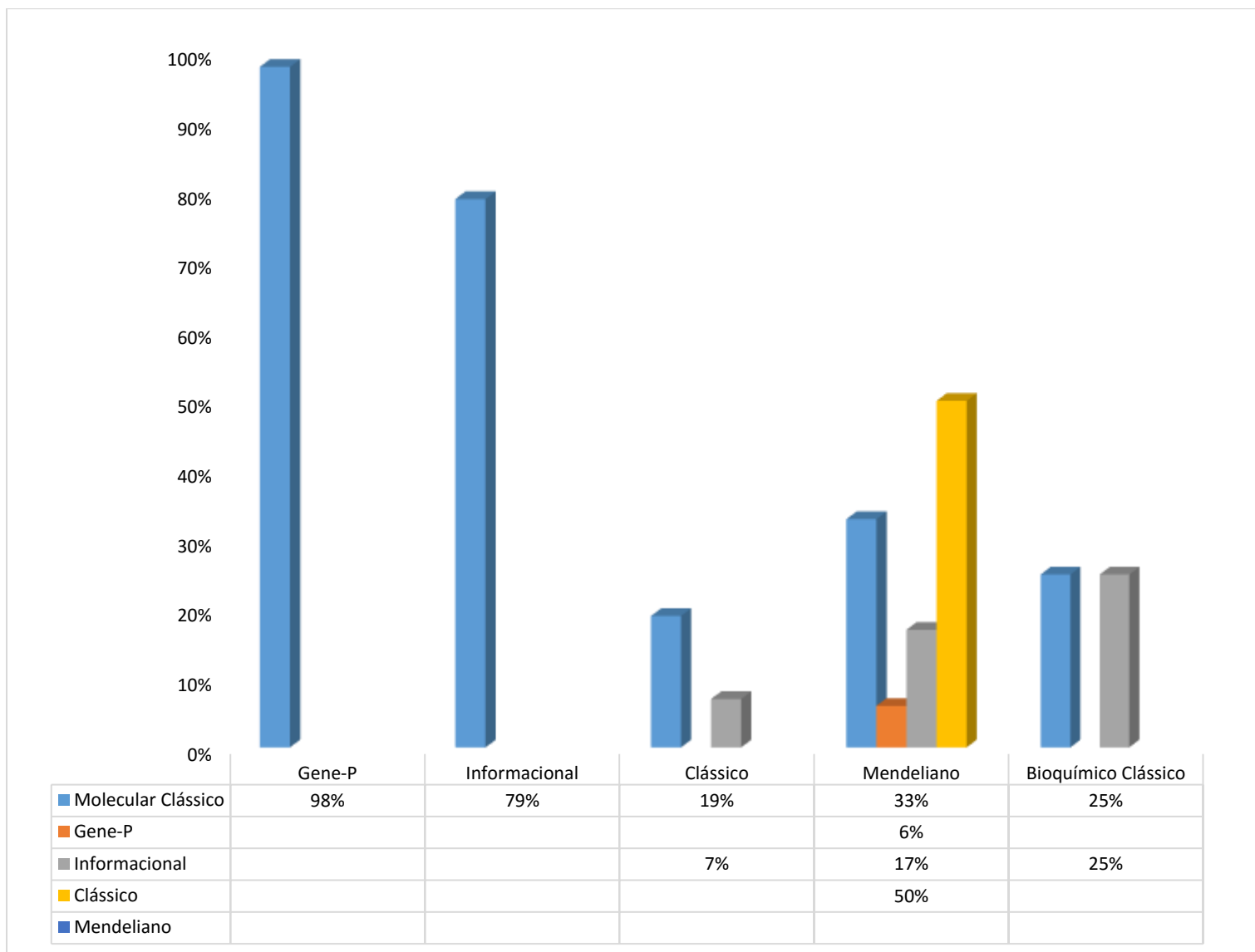


Figura 29: Frequência de sobreposições de conceitos de gene no livro *Cell and Molecular Biology* (KARP, 2013).

Como nos livros anteriores, foi encontrada uma grande sobreposição entre o conceito molecular clássico e o conceito de gene-P, com consequências para a promoção de uma visão determinista genética entre professores e alunos, como discutido anteriormente. Entre as unidades de registro categorizadas como gene-P, 98% também foram categorizadas como molecular clássico. O seguinte trecho, retirado do contexto “genética médica” fornece um exemplo de tal sobreposição:

Uma vez que uma região ligada ao **gene da doença é identificada, o segmento de DNA pode ser isolado e o gene mutante localizado**. Esse tipo de abordagem genética é bem

adequada para a identificação de genes que têm penetrância muito alta, ou seja, genes cujas formas mutantes virtualmente garantem que o indivíduo será afetado pela doença. (KARP, 2013, Box The Human Perspective, p.417, **grifo nosso**).<sup>73</sup>

Como esperado, houve grande sobreposição entre concepção informacional e conceito molecular clássico, ambos relacionados ao modelo molecular-informacional de função gênica. Em 79% das unidades em que identificamos a concepção informacional, encontramos também o conceito molecular clássico. A seguinte unidade de registro, extraída do contexto "biologia celular", expõe elementos do modo de conceber o gene no conceito molecular clássico, oferecendo, ainda, um exemplo da sobreposição em pauta:

O modelo [da dupla hélice do DNA] apoiou fortemente a suspeita de que o conteúdo informacional do DNA residia na sequência linear de suas bases. **Um dado segmento de DNA corresponderia a cada gene. A sequência específica de nucleotídeos naquele segmento ditaria a sequência de aminoácidos num polipeptídeo correspondente. Uma mudança na sequência linear de nucleotídeos dentro daquele segmento corresponderia a uma mutação herdável naquele gene** (KARP, 2013, p.396, **grifo nosso**).<sup>74</sup>

Na Figura 30, a distribuição das funções atribuídas ao gene nas unidades de registro pode ser examinada. A função mais frequentemente atribuída foi a de "codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs", com

---

<sup>73</sup> No original: Once a region linked to the disease gene is identified, the DNA of that segment can be isolated and the mutant gene pinpointed. This type of genetic approach is well suited for the identification of genes that have very high penetrance, that is, genes whose mutant form virtually guarantees that the individual will be afflicted with the disorder.

<sup>74</sup> No original: The model strongly supported the suspicion that the information content of DNA resided in the linear sequence of its bases. A given segment of DNA would correspond to each gene. The specific sequence of nucleotides in that segment would dictate the sequence of amino acids in a corresponding polypeptide. A change in the linear sequence of nucleotides within that segment would correspond to an inheritable mutation in that gene.

611 unidades (56%), seguida por “causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica”, com 257 unidades (23%), e “controlar o metabolismo celular”, com 121 unidades (11%). A função de “propiciar recurso para o desenvolvimento” não foi identificada neste livro didático, o que se justifica, dado que também não houve incidência do conceito de gene-D, ao qual esta função está associada.

A ocorrência das funções atribuídas ao gene em cada unidade de contexto pode ser vista na Tabela 11 (em quantidades de ocorrências) e Figura 31 (em frequência).

A função de “servir como unidade de seleção” foi encontrada em 11 unidades (1% do total de unidades no livro didático), sendo que 4 delas (36%) se localizavam na unidade de contexto “biologia celular”, 3 (27%) em “genética evolutiva e de populações” e 3 (27%) na “introdução”.

A função de “transmitir caracteres hereditários” foi identificada em 46 unidades (4%), sendo 20 delas no contexto “biologia celular” (43% das ocorrências dessa função), 15 em “genética médica” (33%) e 7 em “biologia/genética molecular” (15%).

“Controlar metabolismo celular” foi uma função atribuída ao gene em todas as unidades de contexto. Entre as 121 unidades de registro em que encontramos essa função, 79 (65%) se encontravam no contexto “genética médica” e 15 (12%) em “biologia/genética molecular”.

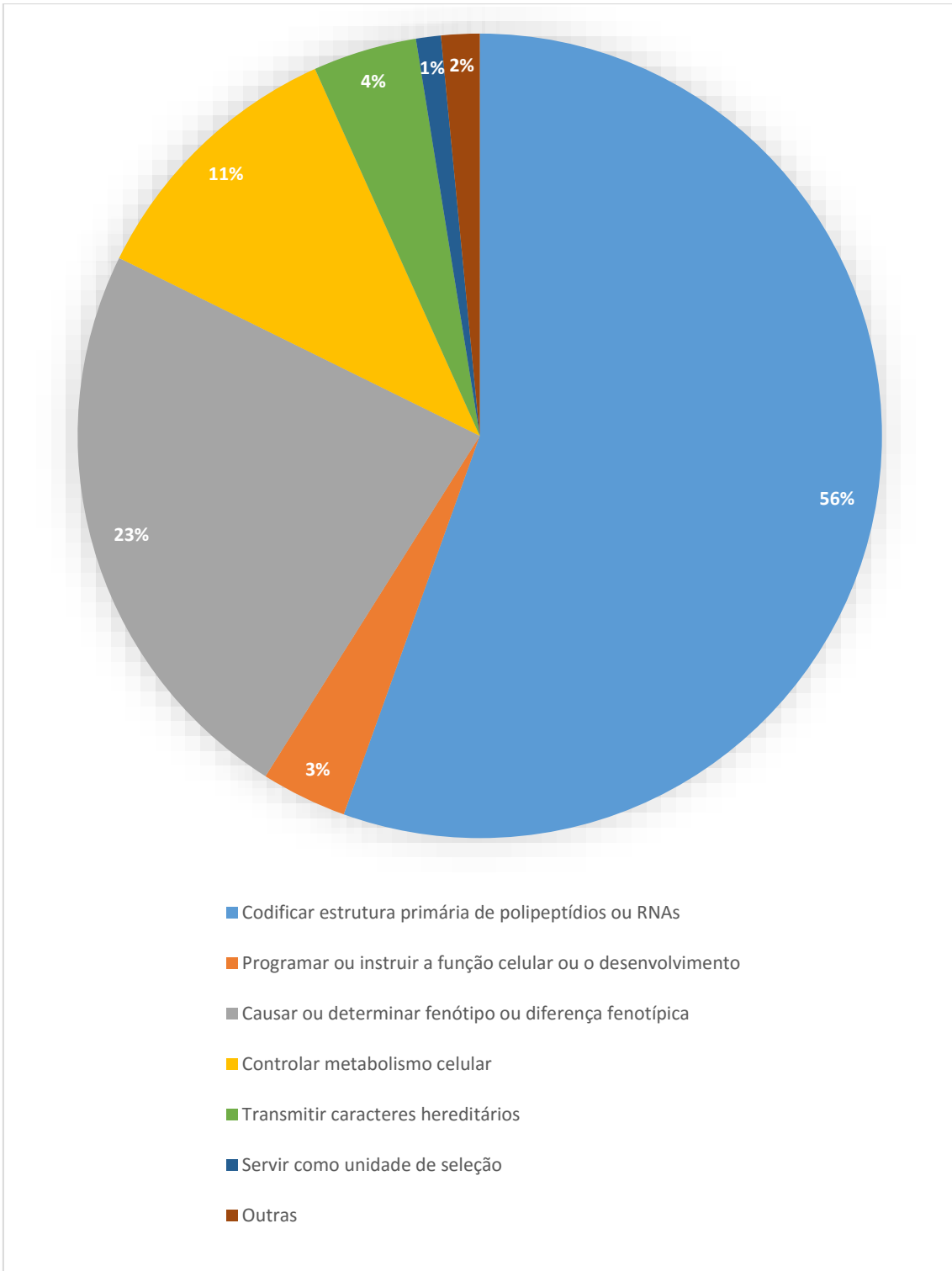


Figura 30: Frequência das funções atribuídas ao gene no livro *Cell and Molecular Biology* (KARP, 2013).

FUNÇÕES CONTEXTOS	FUNÇÕES							
	Codificar estrutura primária de polipeptídeos ou RNAs	Programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento	Causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica	Propiciar recurso para o desenvolvimento	Controlar metabolismo celular	Transmitir caracteres hereditários	Servir como unidade de seleção	Outras
Genética Evolutiva e de Populações	33	0	6	0	3	0	3	0
Genética de Microorganismos	18	1	0	0	4	0	0	0
Genética de Eucariotos	40	1	5	0	5	1	0	3
Genética Médica	205	1	170	0	79	15	0	0
Biologia / Genética Molecular	182	20	36	0	15	7	1	0
Biologia Celular	37	7	16	0	4	20	4	3
Engenharia Genética	50	0	18	0	3	0	0	0
Introdução	8	7	1	0	3	0	3	4
Glossário	38	1	5	0	5	3	0	7
TOTAIS	611	38	257	0	121	46	11	17

Tabela 11: Ocorrência das funções atribuídas ao gene por unidade de contexto no livro *Cell and Molecular Biology* (KARP, 2013).

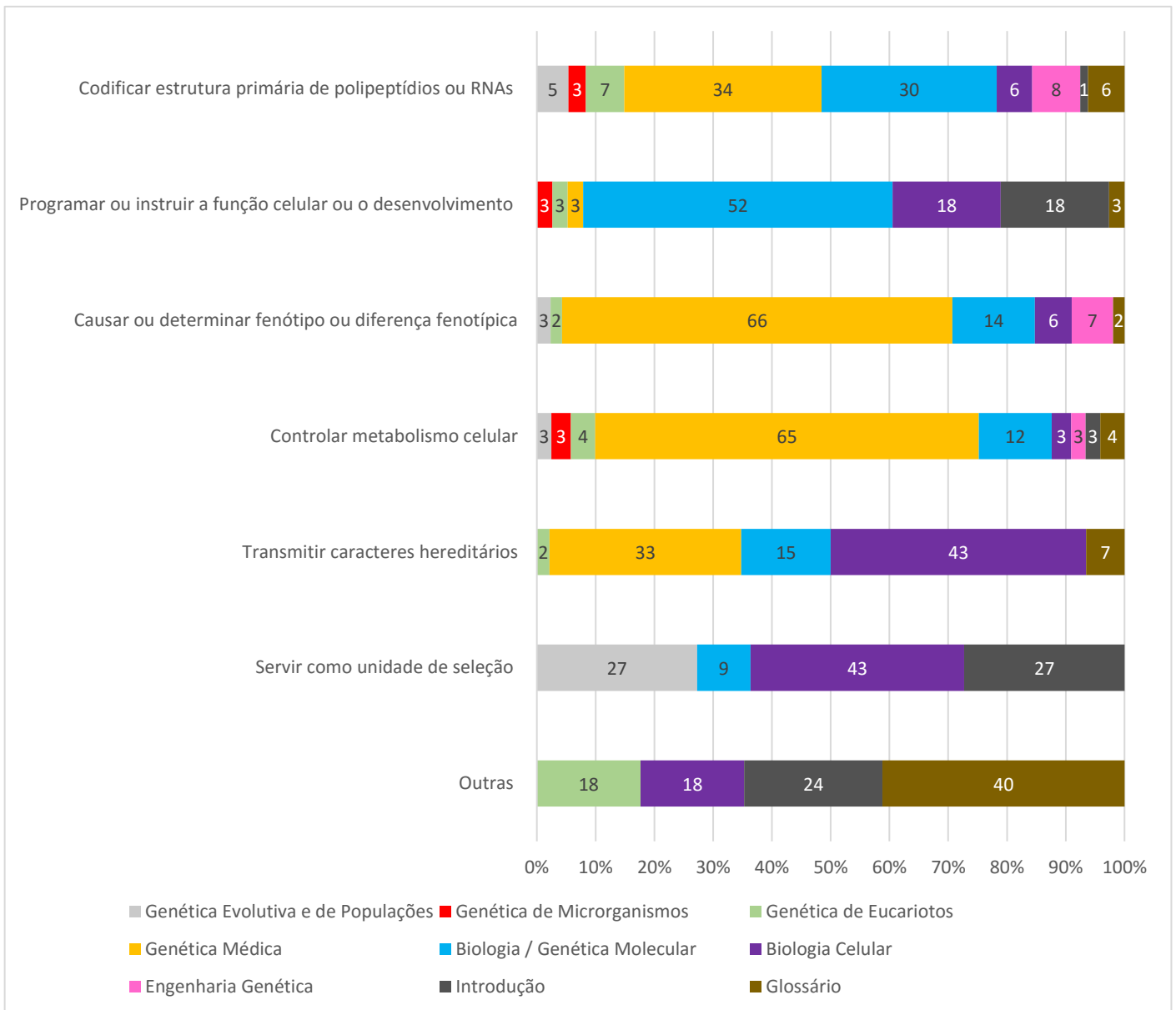


Figura 31: Frequência das funções atribuídas ao gene por unidades de contexto no livro *Cell and Molecular Biology* (KARP, 2013).

A função de “causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica” teve incidência em todas as unidades de contexto – exceto “genética de microrganismos”. Entre as 257 unidades em que esta função foi encontrada, 170 (66%) estão no contexto “genética médica”, como esperado, e 36 (14%) em “biologia/genética molecular”, mostrando a sobreposição de uma interpretação determinista ao gene molecular. Um exemplo dessa função atribuída ao gene,



neste último contexto, pode ser encontrado no trecho abaixo, superposta à função de “codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNA”:

Em 1990, dois grupos de investigadores relataram uma tentativa de aprofundar a cor das flores pela introdução de cópias extra de **um gene codificando uma enzima produtora de pigmento**. Para a surpresa dos pesquisadores, a presença dos genes extra causou a perda da pigmentação pelas pétalas em vez de tornar sua pigmentação mais escura, como esperado. (KARP, 2013, p.455, **grifo nosso**)<sup>75</sup>

A função de “programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento” foi identificada em 38 unidades de registro (3% do total de unidades no livro) e, entre elas, 20 unidades (52%) se situam no contexto “biologia/genética molecular”, 7 (18%) no contexto “biologia celular” e 7 unidades (18%) na “introdução”. Esta distribuição coincide, como era de se esperar, com a distribuição da concepção informacional, à qual esta atribuição de função está relacionada.

Outra função atribuída ao gene que se encontra em todas as unidades de contexto é “codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs”, sendo ela a mais utilizada em cada contexto. Isso mostra, mais uma vez, o predomínio do conceito molecular clássico no livro. A maior quantidade de unidades em que tal atribuição de função foi encontrada se situa no contexto “genética médica” (205 unidades, 34%), seguido por “biologia/genética molecular” (182 unidades, 30%). Os trechos abaixo, extraídos desses dois contextos, na ordem acima, ilustram essa atribuição de função:

---

<sup>75</sup> No original: In 1990, two groups of investigators reported on an attempt to deepen the color of the flowers by introducing extra copies of a gene encoding a pigment-producing enzyme. To the surprise of the researchers, the presence of the extra genes caused the petals to lose their pigmentation rather than become more darkly pigmented as expected

O gene pode tornar-se duplicado uma ou mais vezes, resultando em amplificação gênica e **produção em excesso da proteína codificada**. (KARP, 2013, p.671, **grifo nosso**).<sup>76</sup>

A descoberta de genes com íntrons imediatamente levantou a questão de **como tais genes eram capazes de produzir RNAs mensageiros sem essas sequências**. Uma possibilidade provável era a de que as células produzem um transcrito primário que corresponde à unidade de transcrição inteira e aquelas porções do RNA correspondentes aos íntrons no DNA são de algum modo removidos. (KARP, 2013, p.446, **grifo nosso**).<sup>77</sup>

Na Figura 32, podem ser examinadas as sobreposições na mesma unidade de registro das funções atribuídas aos genes. As funções “controlar o metabolismo celular”, “causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica” e “programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento” foram encontradas com maior frequência sobrepostas à função “codificar estrutura primária de polipeptídeos ou RNAs” (96%, 94% e 79% das unidades categorizadas naquelas funções, respectivamente).

---

<sup>76</sup> No original: The gene can become duplicated one or more times, resulting in gene amplification and excess production of the encoded protein.

<sup>77</sup> No original: The discovery of genes with introns immediately raised the question as to how such genes were able to produce messenger RNAs lacking these sequences. One likely possibility was that cells produce a primary transcript that corresponds to the entire transcription unit, and that those portions of the RNA corresponding to the introns in the DNA are somehow removed.

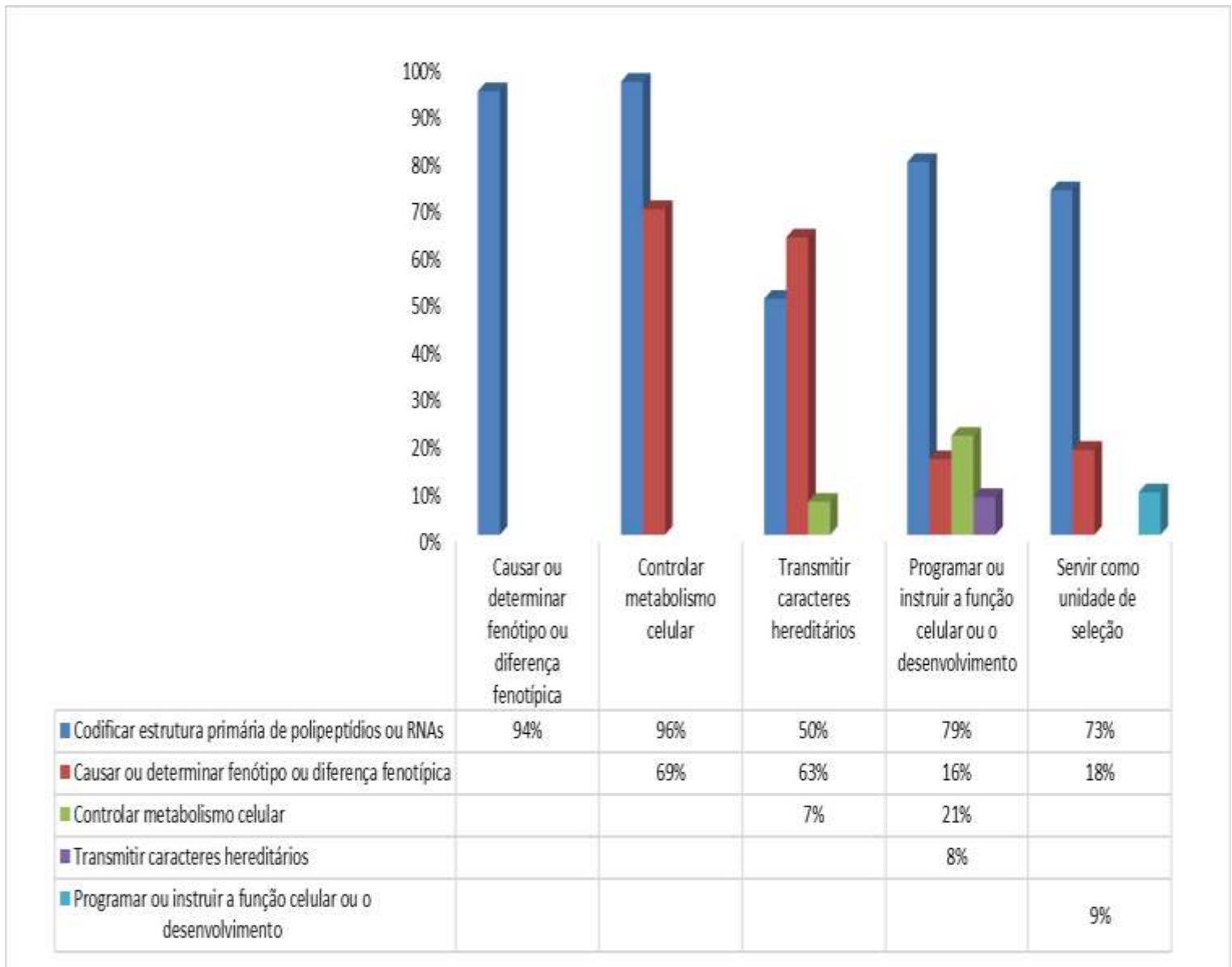


Figura 32: Frequência de sobreposições das funções atribuídas ao gene no livro *Cell and Molecular Biology* (KARP, 2013).

Um exemplo de sobreposição de duas funções relacionadas ao modelo molecular-informacional, “programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento” e “codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs”, pode ser encontrado na seguinte unidade, retirada do contexto “biologia celular”:

**Muitos genes codificam moléculas de RNA que, em vez de conter informação para a síntese de polipeptídios, funcionam como RNAs em seu próprio direito. Com isso em mente, poderia ser melhor definir um gene como um segmento de DNA que contém a informação para uma**

**cadeia polipeptídica única ou para um ou mais de um RNA funcional.** <sup>78</sup> (KARP, 2013, p.428, **grifo nosso**).

Os autores desse livro trazem a palavra “modelo” para se referir, principalmente, à organismos modelos, modelos espaciais de moléculas (colesterol, DNA topoisomerase, entre outras), modelo da membrana celular mosaico-fluido, modelos de formação da heterocromatina, modelo da dupla hélice proposto por Watson e Crick, modelo de transcrição e replicação de DNA. Não há a abordagem de genes e função gênica como modelos.

O termo “genética quantitativa” não ocorre. “Quantitativ”, “gêmeos” e “adotados” só aparecem em outros contextos que não são focados para o que buscamos no momento.

Diferentemente dos livros anteriores, nesse livro didático encontramos o uso da palavra “herdabilidade” em um box “A perspectiva Humana: Aplicações das Análises Genômicas na Medicina” (no original, *The Human Perspective: Application of Genomic Analyses to Medicine*, p. 417) que aborda os estudos de *genome-wide association studies*, resultando na busca também positiva pelos termos “*genome-wide*” e “GWAS”. Nesse box, os autores explicam o que seria a penetrância dos genes, distinguindo genes de baixa e de alta penetrância (estes últimos responsáveis pelo que chamamos de herança mendeliana que ocorrem de forma rara). Os autores do livro explicitam, ainda, a importância da influência de fatores não genéticos no desenvolvimento de doenças, tratando os genes não como responsáveis por certas doenças, mas como fatores que contribuem, aumentam ou estão associados ou envolvidos no aparecimento destas, que a incidência deles é maior em famílias com certas doenças do que em família que não apresentam a doença e os chamam de “alelos suscetíveis”. E trazem a seguinte passagem:

“Em outras palavras, genes podem interagir um com os outros, e os pesquisadores têm que considerar o papel de combinações

---

<sup>78</sup> No original: Many genes encode RNA molecules that, rather than containing information for polypeptide synthesis, function as RNAs in their own right. With this in mind, it might be best to define a gene as a segment of DNA that contains the information for either a single polypeptide chain or for one, or more, functional RNAs.

específicas de alelos como determinantes de fenótipos particulares. É suficientemente difícil determinar os efeitos variantes individuais em doenças particulares sem tentar medir os efeitos das combinações variantes. (KARP, 2013, p. 418) <sup>79</sup>

Os autores ainda elucidam que os para identificar esses genes são feitos na escala populacional. Essa abordagem se faz necessária pois afasta a visão determinista genética, tirando a responsabilidade da determinação dos fenótipos dos genes e incorporando modos de se falar sobre a influência dos genes em fenótipos de forma mais consciente, sem a associação ingênua entre gene-fenótipo.

Infelizmente essa abordagem é feita apenas em um box e não se reflete no modo como os autores abordam os genes nas outras passagens do livro didático e não há o cuidado pontual de esclarecer que essas associações não devem ser feitas a nível de indivíduos.

---

<sup>79</sup> No original: In other words, genes can interact with one another, and thus researchers may have to consider the role of specific combinations of alleles as determinants of particular phenotypes. It is difficult enough to determine the effects of individual variants on a particular disease outcome without attempting to measure the effects of combinations of variants.

## The Cell: A Molecular Approach

O livro didático *The Cell: A Molecular Approach* (COOPER; HAUSMANN, 2013) foi o terceiro livro didático mais indicado nas ementas das disciplinas de biologia celular e molecular, com 48 ementas, sendo 29 em língua portuguesa, 2 ementas em língua inglesa e 17 ementas em língua espanhola. É um livro dirigido a disciplinas introdutórias<sup>80</sup> de biologia celular e molecular, com 832 páginas.

Neste livro, foram encontradas 632 unidades de registro, distribuídas em sete unidades de contexto (Figura 33), com a maioria das unidades sendo encontradas no contexto “genética médica” (183 unidades, 29%), seguido pelos contextos “biologia/genética molecular” (173 unidades, 28%) e “genética de eucariotos” (141 unidades, 22%).

A categorização das unidades de registro de acordo com os conceitos de gene identificados (Figura 34) mostrou que em 86% delas o conceito utilizado foi o molecular clássico (619 unidades), indicando claramente sua predominância no livro. O segundo conceito de gene mais frequente foi o de gene-P, presente em 26 unidades (4%), seguido pela concepção informacional (23 unidades, 3%). Neste livro, tampouco houve incidência do conceito de gene-D. Outros conceitos foram identificados em 10 unidades (4%).

A distribuição dos conceitos de gene por unidade de contexto pode ser examinada na Tabela 12 (quantidade de ocorrências) e Figura 35 (frequência).

---

<sup>80</sup> Ver:

[http://www.amazon.com/Cell-Molecular-Approach-Sixth/dp/0878939644/ref=sr\\_1\\_1?s=books&ie=UTF8&qid=1452184052&sr=1-1&keywords=the+Cell%3A+A+molecular+Approach+COOPER](http://www.amazon.com/Cell-Molecular-Approach-Sixth/dp/0878939644/ref=sr_1_1?s=books&ie=UTF8&qid=1452184052&sr=1-1&keywords=the+Cell%3A+A+molecular+Approach+COOPER) acesso em 07 jan 2016

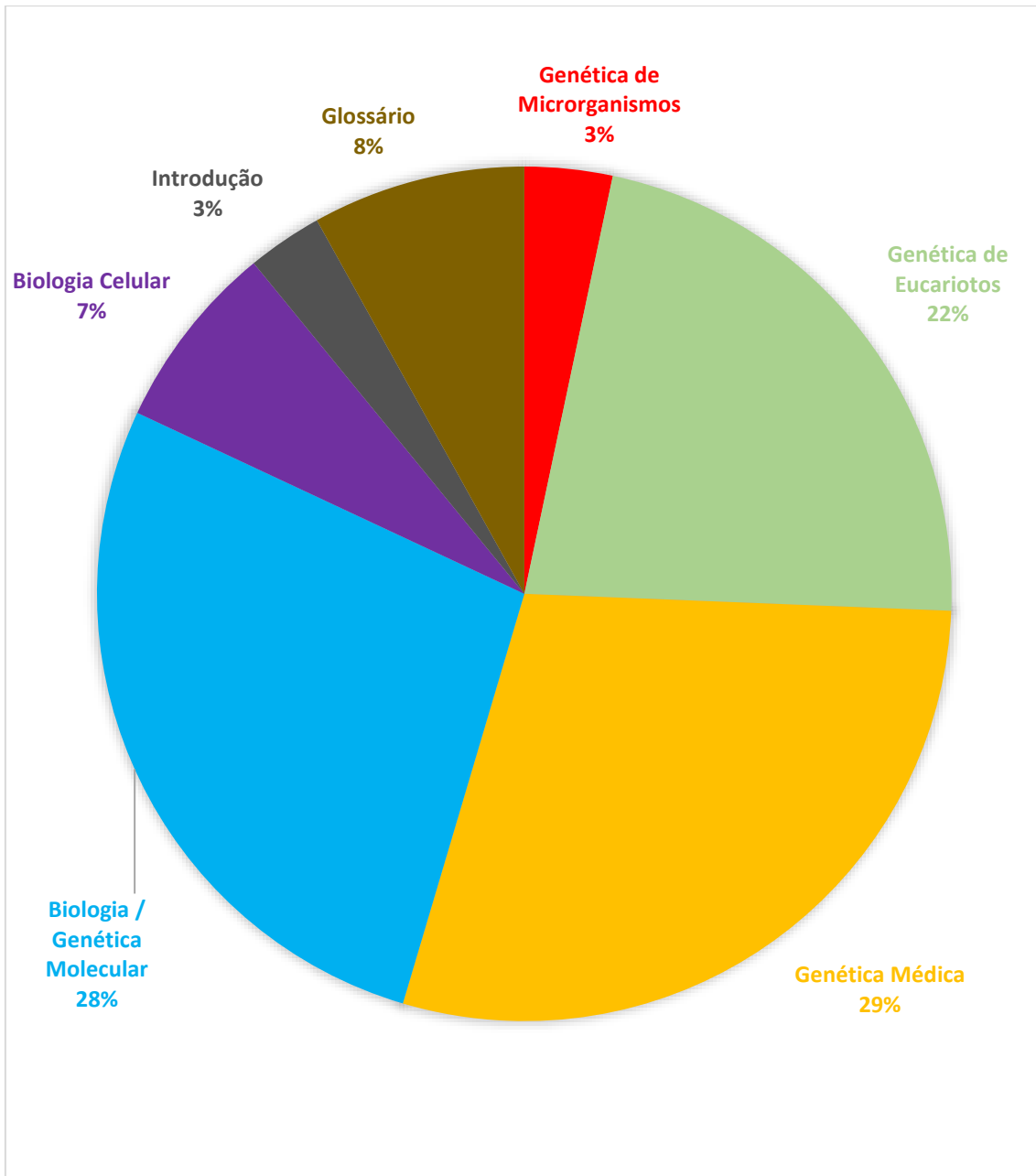


Figura 33: Distribuição das unidades de registro por unidade de contexto no livro *The Cell: A Molecular Approach* (COOPER; HAUSMANN, 2013).

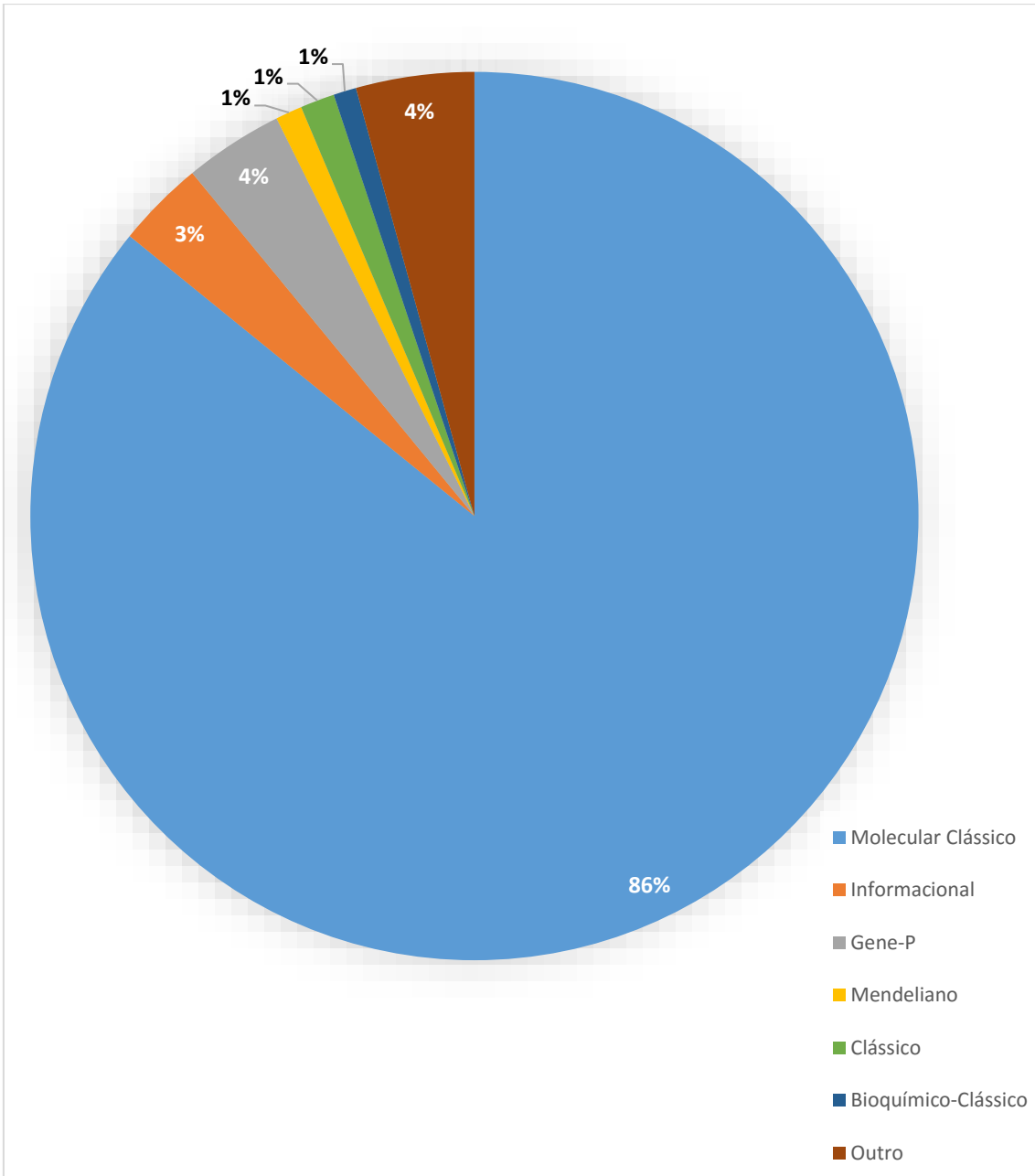


Figura 34: Freqüência dos conceitos de gene no livro *The Cell: A molecular Approach* (COOPER; HAUSMANN, 2013).



CONCEITOS CONTEXTO	Molecular Clássico	Informacional	Gene-P	Gene-D	Mendeliano	Clássico	Bioquímico-Clássico	Outro
Genética de Microrganismos	21	0	0	0	0	0	0	0
Genética de Eucariotos	140	0	2	0	0	1	0	4
Genética Médica	183	3	19	0	2	0	0	4
Biologia / Genética Molecular	162	10	4	0	3	7	5	20
Biologia Celular	45	6	0	0	0	0	0	2
Introdução	18	4	0	0	1	0	0	0
Glossário	50	0	1	0	1	0	1	1
TOTAIS	619	23	26	0	7	8	6	31

Tabela 12: Ocorrência das categorias de conceito de gene por unidade de contexto no livro *The Cell: A Molecular Approach* (COOPER; HAUSMANN, 2013).

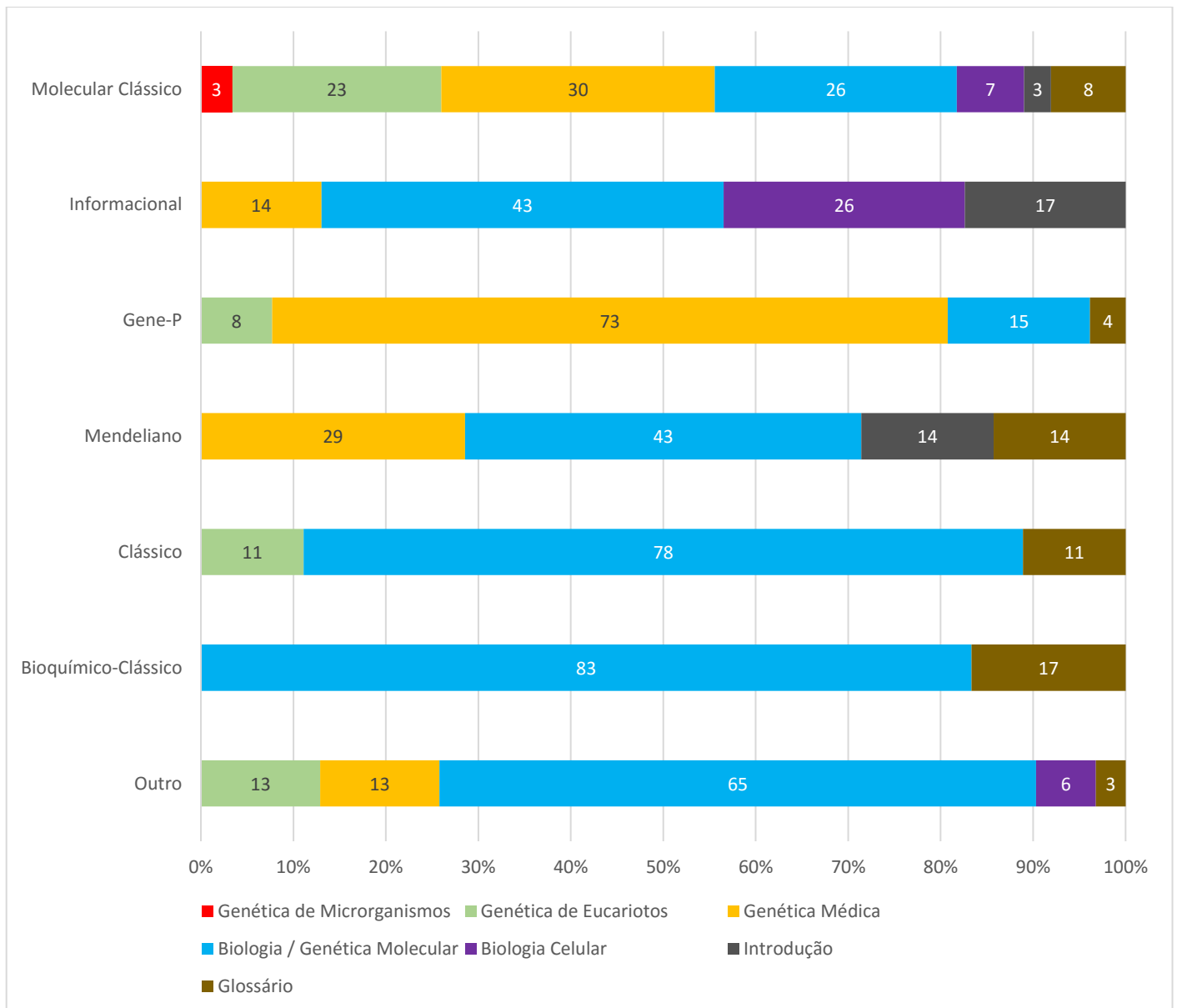


Figura 35: Frequência das categorias de conceitos de gene por unidades de contexto no livro *The Cell: A Molecular Approach* (COOPER; HAUSMANN, 2013).

O conceito bioquímico-clássico foi encontrado em 6 unidades de registro (1% do total de unidades no livro), sendo 5 das suas ocorrências (83%) identificadas no contexto “biologia/genética molecular” e uma outra, no “glossário”. No trecho abaixo, temos um exemplo de unidade de registro na qual o conceito bioquímico-clássico é abordado de uma perspectiva histórica, que retoma os estudos de Beadle e Tatum, em sobreposição com o conceito molecular clássico:

Assim, cada mutação resultava numa deficiência numa via metabólica específica. Como se sabia que tais vias metabólicas eram governadas por enzimas, a conclusão crítica desses experimentos foi que **cada gene especificava a estrutura de uma enzima única**. Além disso, **sabe-se agora que alguns genes codificam RNAs funcionais, tais como os RNAs de transferência e ribossômico, e não proteínas**. (COOPER; HAUSMANN, 2013, p.107, **grifos nossos**)<sup>81</sup>

O conceito clássico foi identificado em 8 unidades de registro (1% do total de unidades no livro), com predomínio no contexto “biologia/genética molecular” (7 das 8 unidades em que foi encontrado, i.e., 88%). O seguinte trecho ilustra o uso desse conceito pelo livro, numa abordagem histórica:

Logo depois, o **papel dos cromossomos como portadores dos genes foi proposto**. Foi compreendido que a maioria das células das plantas e animais superiores é diploide – contendo duas cópias de cada cromossomo. A formação das células germinativas (o espermatozoide e o óvulo), no entanto, envolve um tipo único de divisão (meiose), em que apenas um membro de cada par de cromossomos é transmitido para cada célula da progênie. (COOPER; HAUSMANN, 2013, p.104, **grifo nosso**)<sup>82</sup>

O conceito mendeliano foi encontrado em 7 unidades de registro (1%), sendo 3 unidades (43%) no contexto “biologia / genética molecular” e 2 unidades (29%) em “genética médica”.

---

<sup>81</sup> No original: Thus each mutation resulted in a deficiency in a specific metabolic pathway. Since such metabolic pathways were known to be governed by enzymes, the critical conclusion from these experiments was that each gene specified the structure of a single enzyme. In addition, some genes are now know to encode functional RNAs, such as transfer or ribosomal RNAs, rather than proteins.

<sup>82</sup> No original: Shortly thereafter, the role of chromosomes as the carriers of genes was proposed. It was realized that most cells of higher plants and animals are diploid—containing two copies of each chromosome. Formation of the germ cells (the sperm and egg), however, involves a unique type of cell division (meiosis) in which only one member of each chromosome pair is transmitted to each progeny cell

Por sua vez, 73% das unidades em que o conceito de gene-P esteve presente (19 unidades) se situavam no contexto “genética médica”, como esperado, 15% (4 unidades) em “biologia/genética molecular” e 8% (2 unidades) em “genética de eucariotos”. Abaixo, temos dois exemplos de ocorrência do gene-P, nos contextos “genética médica” (mais uma vez, com uma visão determinista da etiologia de cânceres) e “genética de eucariotos”, respectivamente:

Tais estudos eventualmente levaram à identificação de um **gene causador de câncer específico (oncogene)** carregado pelo vírus e à descoberta de genes relacionados em células normais de todas as espécies de vertebrados, incluindo humanos. Sabe-se agora que alguns cânceres em humanos são causados por vírus; outros resultam de mutações em genes celulares normais similares ao oncogene primeiro identificado em RSV. (COOPER; HAUSMANN, 2013, p.37, **grifo nosso**)<sup>83</sup>

Análises recentes de genomas de cães também identificaram **genes responsáveis pela cor da pelagem e pelo tamanho corporal em raças pequenas**. Tipos similares de análises estão em andamento para compreender a base genética de múltiplas doenças, incluindo vários tipos de cânceres que são comuns em algumas raças de cães. (COOPER; HAUSMANN, 2013, p.169, **grifo nosso**)<sup>84</sup>

A concepção informacional estava presente em 23 unidades de registro (3%), sendo 10 unidades (43% das ocorrências da categoria) localizadas no

---

<sup>83</sup> No original: Such studies eventually led to identification of a specific cancer-causing gene (oncogene) carried by the virus, and to the discovery of related genes in normal cells of all vertebrate species, including humans. Some cancers in humans are now known to be caused by viruses: others result from mutations in normal cell genes similar to the oncogene first identified in RSV.

<sup>84</sup> No original: Recent analyses of dog genomes have also identified genes responsible for coat color and for the body size on small breeds. Similar types of analysis are under way to understand the genetic basis on multiple diseases, including several types of cancer that are common in one breeds of dogs.

contexto “biologia/genética molecular”, 6 unidades (26%), no contexto “biologia celular” e 4 unidades (17%) na “introdução”. Observa-se, assim, o uso dessa concepção no livro em análise como meio de apresentar uma visão introdutória sobre o gene, ou em conexão com uma abordagem molecular.

O único conceito de gene presente em todos os contextos do livro didático foi o conceito molecular clássico, o que reforça a conclusão de que a interpretação sobre genes e seu papel nos sistemas vivos que professores e estudantes provavelmente irão adquirir com o uso do livro deverá estar alinhada com esse conceito. O contexto “genética médica” foi aquele em que foram encontradas mais ocorrências do conceito, em 183 unidades de registro (30% das ocorrências), seguido por “biologia/genética molecular”, com 162 unidades (26%) e “genética de eucariotos”, com 140 unidades (23%).

No trecho abaixo, temos uma conceituação de gene encontrada no livro, retiradas da unidade de contexto “biologia/genética molecular”, que constitui claro exemplo do conceito molecular clássico:

Em termos moleculares, **um gene pode ser definido como um segmento de DNA que é expresso para produzir um produto funcional, que pode ser ou um RNA (e.g., RNAs de transferências e ribossômicos) ou um polipeptídeo.** (COOPER; HAUSMANN, 2013, p.155, **grifo nosso**)<sup>85</sup>

Em outro trecho, presente no contexto “genética de microrganismos”, temos um exemplo adicional de explicação sobre genes alinhada com o conceito molecular clássico:

Uma vez que a sequência completa do genoma foi obtida, ela foi analisada para identificar **os genes codificantes de rRNAs, tRNAs e proteínas.** Regiões codificadoras de proteínas potenciais foram identificadas por análise computacional da sequência de DNA para detectar fases de leitura aberta – longos trechos da sequência de nucleotídeos que podem codificar

---

<sup>85</sup> No original: In molecular terms, a gene can be defined as a segment of DNA that is expressed to yield a functional product, which may be either an RNA (e.g., ribosomal and transfer RNAs) or a polypeptide.

polipeptídios porque não contêm qualquer um dos três códons de terminação de cadeia (UAA, UAC, and UGA). (COOPER; HAUSMANN, 2013, p.162, **grifo nosso**)<sup>86</sup>

No glossário, encontramos a seguinte definição do gene:

**Gene - uma unidade funcional de herança, correspondendo a um segmento de DNA que codifica um polipeptídio ou uma molécula de RNA.** (COOPER; HAUSMANN, 2013, glossário, **grifo nosso**)<sup>87</sup>

Essa definição é basicamente a mesma encontrada no corpo do texto, com exceção de que o conceito mendeliano aparece superposto ao conceito molecular clássico.

Nesse livro, não encontramos qualquer discussão acerca das implicações de fenômenos que desafiam o conceito molecular clássico, discutidos no próprio livro, como splicing alternativo, edição de mRNA, rearranjo gênico, para o entendimento dominante sobre genes, com o qual o livro está comprometido. Assim, as controvérsias e dúvidas sobre o conceito de gene que são encontradas na comunidade científica ainda não encontraram espaço nesse livro, quanto mais reações ao problema do gene.

A Figura 36 apresenta os dados relativos à sobreposição dos conceitos de gene nas unidades de registro.

---

<sup>86</sup> No original: Once the complete genome sequence was obtained, it was analysed to identify the genes encoding rRNAs, tRNAs, and, proteins. Potential protein-coding regions were identified by computer analysis of the DNA sequence to detect open-reading frames—long stretches of nucleotide sequence that can encode polypeptides because they contain none of the three chain—terminating codons (UAA, UAC, and UGA).

<sup>87</sup> No original: gene - a functional unit of inheritance, corresponding to a segment of DNA that encode a polypeptide or RNA molecule.

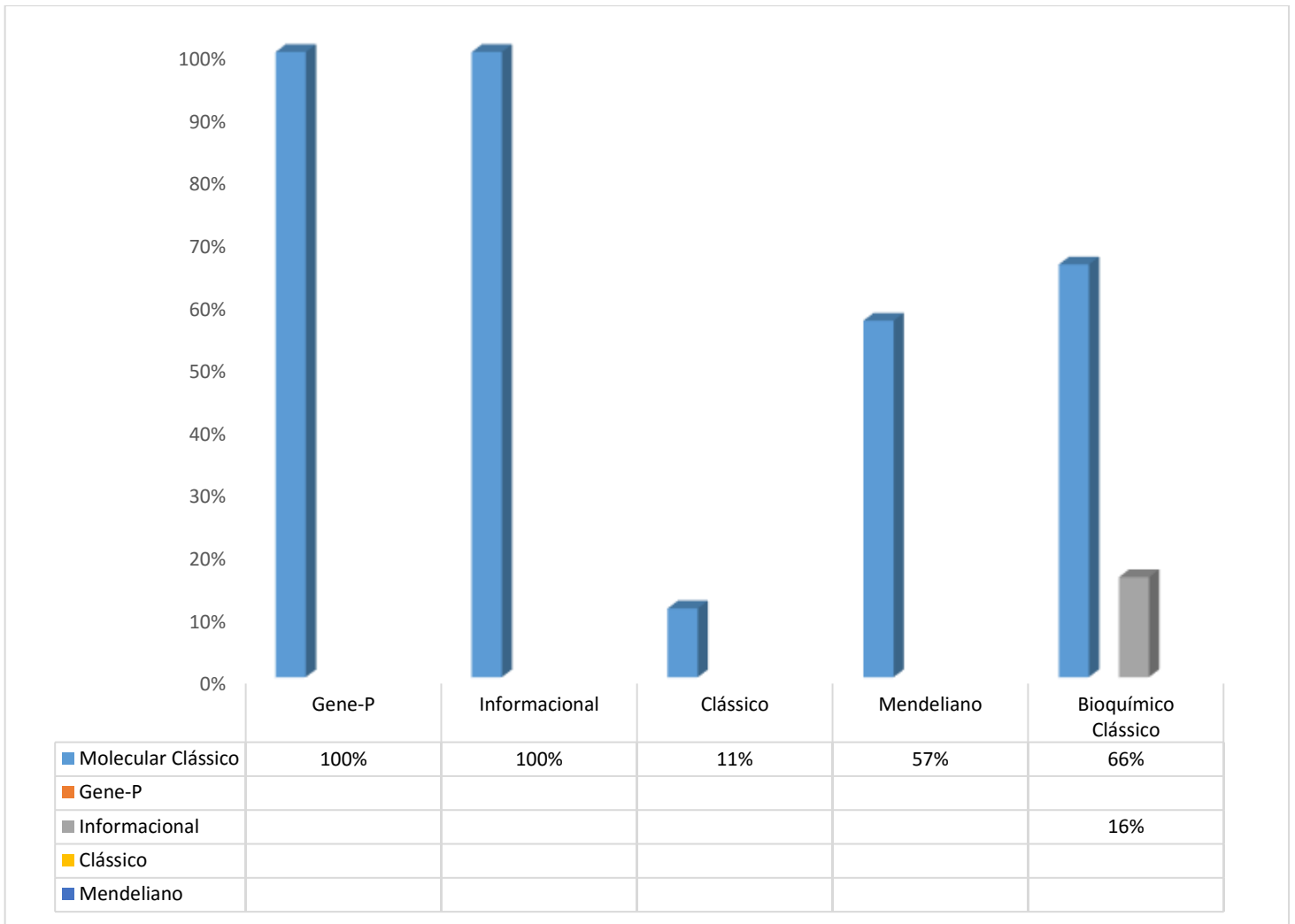


Figura 36: Frequência de sobreposições de conceitos de gene no livro *The Cell: A Molecular Approach* (COOPER; HAUSMANN, 2013).

Em todas as unidades de registro em que a concepção informacional foi encontrada, ela estava sobreposta ao conceito molecular clássico, como esperado. No seguinte trecho, retirado do contexto “biologia celular”, temos um exemplo dessa sobreposição:

**O RNA mensageiro (mRNA) carrega informação do DNA para os ribossomos, onde ele serve como um molde para a síntese de proteínas.** Dois outros tipos de RNA (RNA ribossômico e RNA de transferência) estão envolvidos na síntese de proteínas. Outros tipos de RNAs também estão envolvidos na regulação da expressão gênica e no

processamento e transporte tanto dos RNAs quanto das proteínas. **Além de atuar como uma molécula informacional, o RNA também é capaz de catalisar uma série de reações químicas. Nas células atuais, estas incluem reações envolvidas tanto na síntese de proteínas quanto no processamento de RNA.** (COOPER; HAUSMANN, 2013, p.50, **grifos nossos**)<sup>88</sup>

Do mesmo modo, em todas as unidades em que identificamos o conceito de gene-P, ele estava sobreposto ao conceito molecular clássico, estimulando professores e estudantes a assumirem uma visão determinista genética. O trecho abaixo, presente no contexto “genética médica” ilustra a sobreposição desses dois conceitos:

Um notável avanço foi feito em 1993 com a descoberta de que um **gene responsável por, aproximadamente, 50% dos casos HNPCC, codifica uma enzima envolvida na reparação de emparelhamentos incorretos do DNA**; este gene é um homólogo humano do gene MutS de E. coli. Estudos subsequentes têm mostrado que outros três genes, responsáveis pela maioria dos casos restantes de HNPCC, são homólogos de MML e, portanto, também estão envolvidos na via de reparo de emparelhamentos incorretos. Defeitos nestes genes parecem resultar numa frequência elevada de mutações em outros genes celulares, com uma probabilidade correspondentemente elevada de que algumas destas mutações, eventualmente, levarão ao desenvolvimento de

---

<sup>88</sup> No original: Messenger RNA (mRNA) carries information from DNA to the ribosomes, where it serves as a template for protein synthesis. Two other types of RNA (ribosomal RNA and transfer RNA) are involved in protein synthesis. Still other kinds of RNAs are involved in the regulation of gene expression and in the processing and transport of both RNAs and proteins. In addition to acting as an informational molecule, RNA is also capable of catalyzing a number of chemical reactions. In present-day cells, these include reactions involved in both protein synthesis and RNA processing.



câncer, por afetar os genes que regulam a proliferação celular.  
(COOPER; HAUSMANN, 2013 ,p.215, **grifo nosso**)<sup>89</sup>

Quanto às funções atribuídas ao gene neste livro, podemos observar na Figura 37 que 597 unidades de registro (58%) traziam a atribuição da função de “codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs” aos genes, seguidas por 232 unidades (23%) categorizadas com a função “causar ou determinar fenótipos ou diferenças fenotípicas” e 126, com a função “controlar o metabolismo celular” (12%). Neste livro, não foi encontrada a função de “propiciar recurso para o desenvolvimento”, o que é consistente com o fato de que tampouco foi observada ocorrência do conceito de gene-D.

---

<sup>89</sup> No original: A striking advance was made in 1993 with the discovery that a gene responsible for approximately 50% of HNPCC cases encodes an enzyme involved in mismatch repair of DNA; this gene is a human homolog of the E. coli MutS gene. Subsequent studies have shown that three other genes, responsible for most remaining cases of HNPCC, are homologs of MML and thus are also involved in the mismatch repair pathway. Defects in these genes appear to result in a high frequency of mutations in other cell genes, with a correspondingly high likelihood that some of these mutations will eventually lead to the development of cancer by affecting genes that regulate cell proliferation.

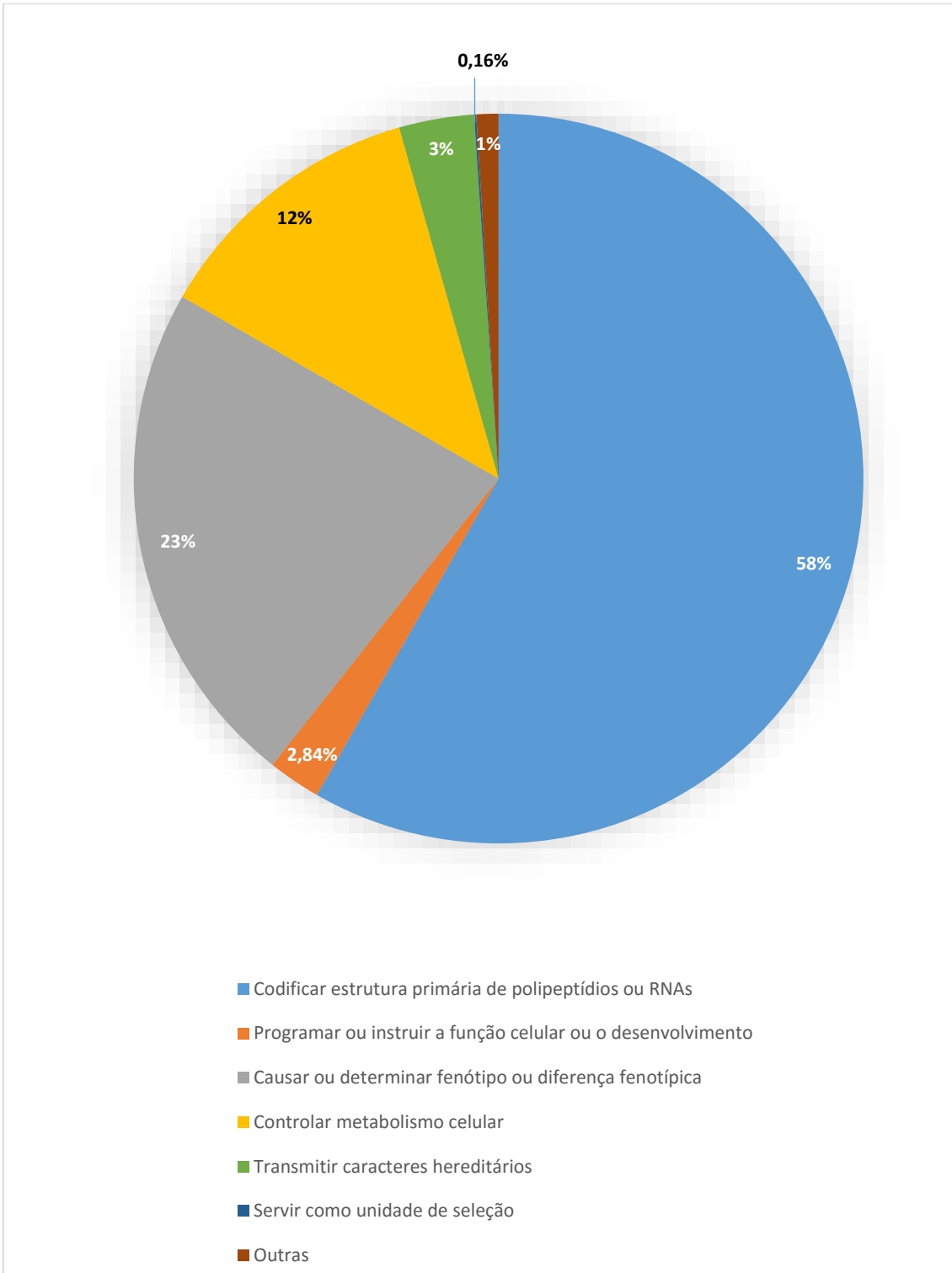


Figura 37: Frequência das funções atribuídas ao gene no livro *The Cell: A Molecular Approach* (COOPER; HAUSMANN, 2013).

A distribuição das funções atribuídas ao gene pelas unidades de contexto é mostrada na Tabela 13 (em quantidade de ocorrências) e na Figura 38 (em frequência).

CONTEXTOS FUNÇÕES	Codificar estrutura primária de polipeptídeos ou RNAs	Programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento	Causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica	Propiciar recurso para o desenvolvimento	Controlar metabolismo celular	Transmitir caracteres hereditários	Servir como unidade de seleção	Outras
Genética de Microorganismos	21	0	0	0	3	0	0	0
Genética de Eucariotos	140	0	15	0	13	0	0	1
Genética Médica	178	3	168	0	69	21	0	0
Biologia / Genética Molecular	161	11	28	0	25	11	1	0
Biologia Celular	45	6	3	0	12	0	0	0
Introdução	11	4	4	0	3	0	0	1
Glossário	41	0	14	0	1	2	0	8
TOTAIS	597	24	232	0	126	34	1	10

Tabela 13: Ocorrência das funções atribuídas ao gene por unidade de contexto no livro *The Cell: A Molecular Approach* (COOPER; HAUSMANN, 2013).

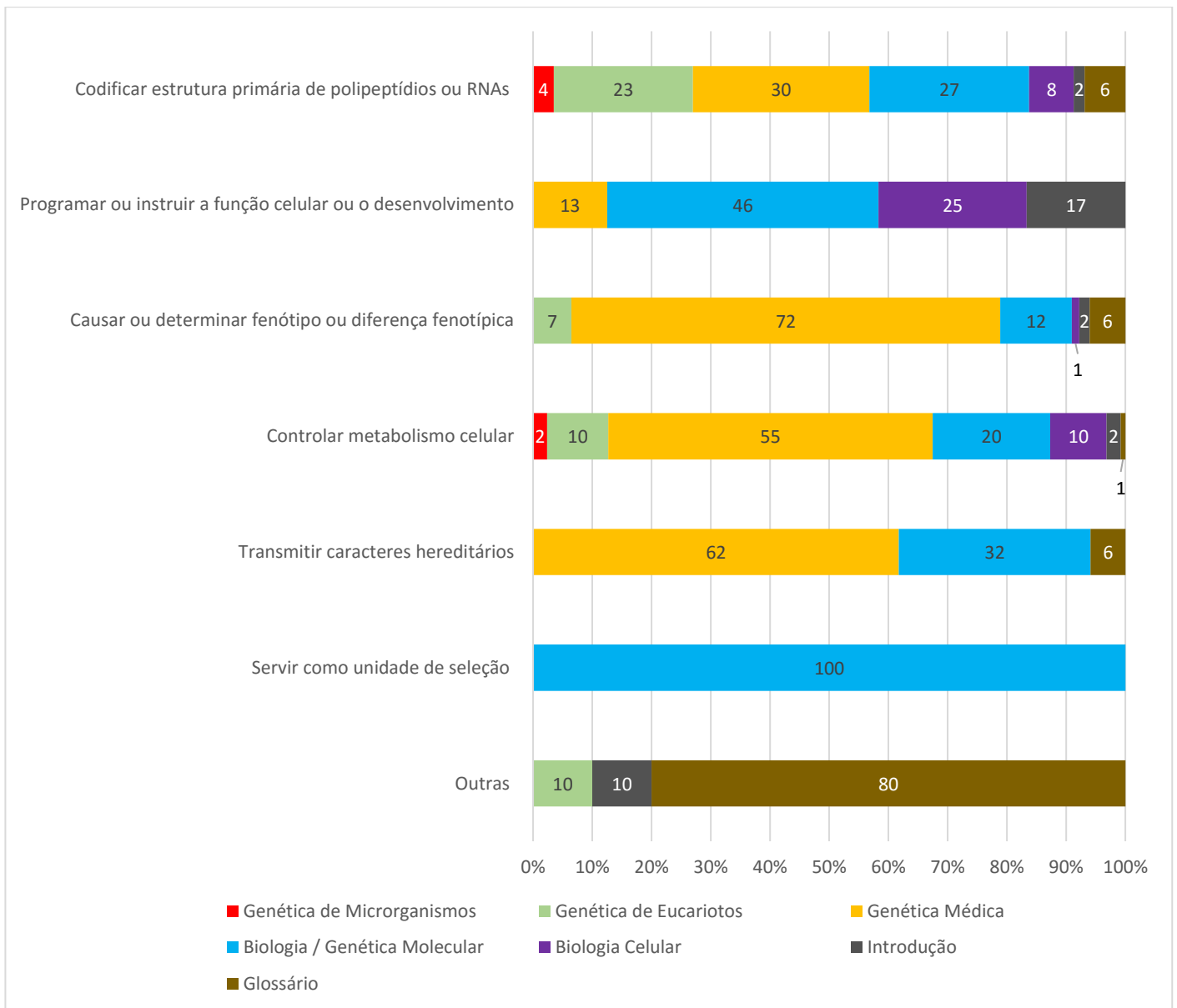


Figura 38: Frequência das categorias de função atribuídas ao gene por unidades de contexto no livro *The Cell: A Molecular Approach* (COOPER; HAUSMANN, 2013).

A função “servir como unidade de seleção” apareceu somente em uma unidade de registro, no contexto “biologia/genética molecular”. “Transmitir caracteres hereditários”, por sua vez, foi identificada em 34 unidades (3%), sendo 21 delas no contexto “genética médica” e 11, no contexto “biologia/genética molecular” (62% e 32% das ocorrências dessa função, respectivamente).

Entre as unidades de registro em que identificamos a função de “controlar metabolismo celular”, 69 estão no contexto “genética médica” (55%), 25, no contexto “biologia/genética molecular” (20%), 13, em “genética de eucariotos” (10%) e 12 em “biologia celular” (10%). Foi uma função encontrada em todas as unidades de contexto, evidenciando uma visão determinista da relação entre genes e o funcionamento celular, sem considerar redes de interações proteica e ribonucleoproteica que têm papel na regulação dos processos celulares, nem tampouco a influência regulatória da matriz extracelular, de outros sistemas do organismo, e mesmo do ambiente. No trecho abaixo, temos um exemplo de tal atribuição de função (sobreposta à função “causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica”) no contexto “genética médica”:

Sabe-se agora que o câncer resulta de mutações em **genes que normalmente controlam a proliferação celular**. Os principais *insights* levando à identificação desses genes resultaram de estudos de vírus que causam câncer em animais (...). (COOPER; HAUSMANN, 2013, p.37, **grifo nosso**)<sup>90</sup>

A função “causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica” só não foi encontrada no contexto “genética de microrganismos”, o que indica o largo uso de uma visão determinista ao longo do livro. A sua maior incidência está, como esperado, no contexto “genética médica”, com 168 unidades de registro (72%), seguido por “biologia/genética molecular”, com 28 unidades (12%).

A função “programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento” foi identificada em 24 unidades de registro (3%), sendo 11 delas (46%) no contexto “biologia/genética molecular”, 6 (25%) em “biologia celular”, 4 (17%) na “introdução” e 3 (13%) em “genética médica”. Isso se mostra consistente com o uso da concepção informacional na introdução de ideias sobre genes e em conexão com o modelo molecular-informacional da função gênica.

---

<sup>90</sup> No original: Cancer is now known to result from mutations in the genes that normally control cell proliferation. The major insights leading to identification of these genes came from studies of viruses that cause cancer in animals (...).

A função mais frequentemente atribuída ao gene ao longo do livro é a de “codificar estrutura primária de polipeptídios e RNAs”. Esta foi a função predominante em todos os contextos, com destaque para os contextos “genética médica”, com 178 unidades de registro (30%), “biologia/genética molecular”, com 161 unidades (27%), e “genética de eucariotos”, com 140 (23%). O trecho abaixo, retirado do contexto “introdução”, ilustra essa atribuição de função, em associação com os conceitos molecular clássico e mendeliano, e de modo consistente com a maneira como o gene é definido em outros trechos do livro:

**Genes são as unidades funcionais de herança, correspondendo a segmentos de DNA que codificam proteínas ou moléculas de RNA.** A sequência de nucleotídeos de um gene é copiada em RNA por um processo chamado transcrição. Para RNAs que codificam proteínas, sua sequência nucleotídica é então usada para especificar a ordem de aminoácidos numa proteína por um processo chamado tradução. (COOPER; HAUSMANN, 2013, p.6, **grifo nosso**)<sup>91</sup>

As sobreposições das funções atribuídas ao gene são apresentadas na Figura 39. Houve sobreposição das funções “controlar metabolismo celular” e “transmitir caracteres hereditários” à função de “causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica” em 69% e 88% das unidades de registro, respectivamente.

A função que mais apareceu sobreposta foi a de “codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs”, reforçando a conclusão de que o conceito molecular clássico constitui a interpretação básica sobre gene apresentada no livro, à qual são amalgamadas propriedades oriundas de outros conceitos de gene. Essa mistura indiscriminada de propriedades atribuídas aos genes em diferentes conceitos mostra a falta de uma clara delimitação dos modelos de função gênica consideradas no livro e, mais do que isso, acarretam problemas

---

<sup>91</sup> No original: Genes are the functional units of inheritance, corresponding to segments of DNA that encode proteins or RNA molecules. The nucleotide sequence of a gene is copied into RNA by a process called transcription. For RNAs that encode proteins, their nucleotide sequence is then used to specify the order of amino acids in a protein by a process called translation.

para a formação de estudantes e professores, na medida em que favorecem visões equivocadas sobre o papel dos genes nos sistemas vivos, a exemplo do determinismo genético.

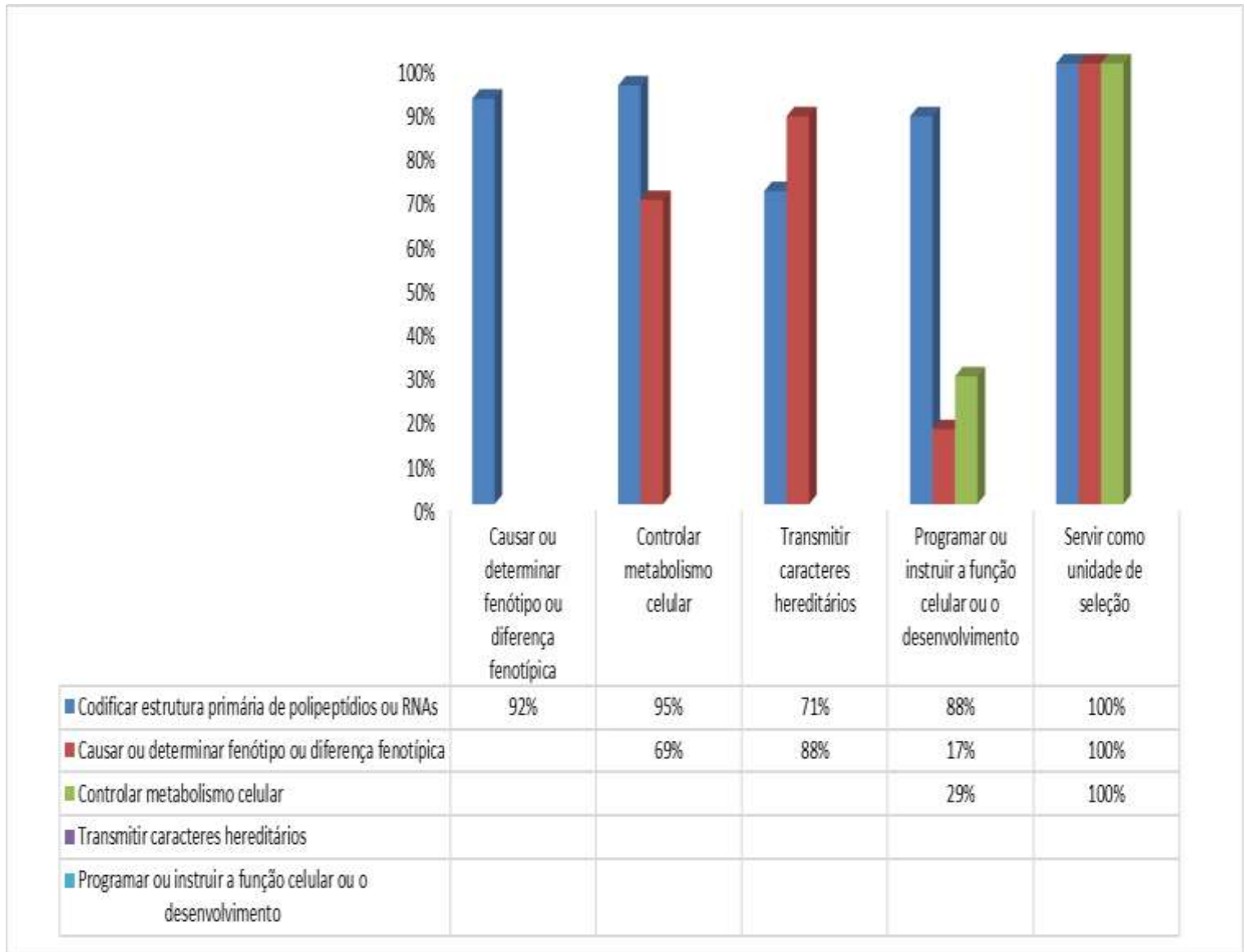


Figura 39: Frequência de sobreposições das funções atribuídas ao gene no livro *The Cell: A Molecular Approach*. (COOPER; HAUSMANN, 2013).

Das unidades nas quais identificamos a função de “controlar metabolismo celular”, 95% estavam sobrepostas à função de “codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs”. Das unidades com a função “causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica”, 92% estavam sobrepostas à função “codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs”. O trecho abaixo oferece

exemplo desta última sobreposição, extraída do contexto “biologia/genética molecular”:

Em contraste com os pseudogenes processados, alguns genes que foram duplicados por transcrição reversa permanecem funcionais após inserção numa nova localização cromossômica. Um exemplo interessante é o **gene responsável pelas pernas curtas características de algumas raças de cães**, tais como dachshund e basset (...). Este é o resultado da retrotransposição de um gene que inibe o crescimento ósseo. O retrogene transposto é ativo, mas expresso anormalmente em sua nova localização, provavelmente como resultado de regulação por um LINE<sup>92</sup> adjacente. Por causa desta expressão anormal, o crescimento ósseo cede prematuramente. (COOPER; HAUSMANN, 2013, p.161, **grifo nosso**)<sup>93</sup>

Por fim, 88% das ocorrências da função de “programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento” estavam sobrepostas à função “codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs”, como esperado, dado que são duas funções relacionadas ao modelo molecular-informacional da função gênica.

Como não conseguimos uma cópia eletrônica deste livro, a busca por termos se diferenciou dos demais livros didáticos: os termos foram procurados somente no índice e no glossário, portanto não encontramos referências à “modelo”, “genética quantitativa”, “gêmeos” e “adotados”. Não encontramos o termo “herdabilidade”, mas encontramos, no índice, “herança hereditária dos genes”, seguimos para as páginas indicadas, nas quais os autores não discutiam

---

<sup>92</sup> LINE (Long Interspersed Nuclear Element, em português, Elementos Nucleares Intercalados Longo): retrotransposon formado por uma longa sequência de pares de bases.

<sup>93</sup> No original: In contrast to processed pseudogenes, some genes that have been duplicated by reverse transcription remain functional after insertion at a new chromosomal location. An interesting example is the gene responsible for the short legs characteristics of some breed dogs, such as dachshund and basset hounds (...). This is the result of the retrotransposition of a gene that inhibits bone growth. The transposed retrogene is active but abnormally expressed in its new location, probably as a result of regulation by an adjacent LINE. Because of this abnormal expression, bone growth ceases prematurely.



o que nos interessa com essa busca. No índice encontramos, ainda, referência ao “*genome-wide association studies*” (no livro os autores o chamam de *genome-wide associantion scans*) e retornamos ao texto, no qual há dois parágrafos sobre o tema. Os autores abordam o GWAS como “tendo usados SNPs para identificar os genes associados com herdadas diferenças da susceptibilidade para várias doenças comuns incluindo artrite reumatoide, doenças do coração, diabetes, asma e muitos tipos de câncer”, utilizam as palavras “aumento”, “risco”, “susceptibilidade” e ainda explicitam que os estudos são feitos em milhares de pessoas. Ainda assim, o trecho representa pouco perto do que se fala em genes ao longo do livro e não reflete esse cuidado em outras passagens.

## CAPÍTULO 4: DISCUSSÃO

O presente estudo analisou cinco livros didáticos de Biologia Celular e Molecular do ensino superior, amplamente utilizados em todo o mundo e indicados tanto para disciplinas introdutórias quanto para disciplinas avançadas. Em todos os livros analisados, ideias sobre genes e função gênica foram abordadas nos contextos “genética de microrganismos”, “genética de eucariotos”, “genética médica”, “biologia/genética molecular” e “biologia celular”. No contexto “engenharia genética”, ideias sobre genes e suas funções foram abordadas em todos os livros, com exceção de Cooper e Hausmann (2013). No glossário de todos os livros, o termo “gene” foi definido, o que não surpreende, dado seu papel central na biologia celular e molecular. Foi surpreendente, contudo, não termos identificado unidades em que genes são abordados nos contextos “bioquímica” e “história da ciência”, em qualquer dos livros analisados. Note-se, contudo, que em alguns trechos que tratavam de aspectos históricos da ciência, inseridos em outras unidades de contexto, foram encontradas unidades que continham conceitos de gene e ideias sobre função gênica.

Conceitos de gene e ideias sobre função gênica são abordados de maneira bastante similar em todos os livros didáticos analisados, não importa se indicados para disciplinas introdutórias ou mais avançadas de biologia celular e molecular.

Os principais achados desse estudo dizem respeito: (1) à frequência de ocorrência dos diferentes conceitos de gene e ideias sobre função gênica nos livros; (2) à ausência de uma abordagem histórica e filosoficamente informada sobre genes e à consequente mistura de propriedades atribuídas aos genes em diferentes conceitos ao longo das explicações fornecidas pelas obras analisadas; (3) à promoção de ideias deterministas genéticas pelo modo como genes e seus papéis nos sistemas vivos são abordados; (4) à quase completa ausência de uma discussão nos livros acerca das consequências de desafios ao conceito molecular clássico para nosso entendimento atual sobre genes; e (5) ao silenciamento de visões não deterministas sobre os papéis dos genes nos sistemas biológicos.

## Conceitos de gene e ideias sobre função gênica

Na Figura 40, são mostradas as frequências das categorias de conceito de gene nos livros analisados. O conceito molecular clássico foi o mais frequente em todos os livros, variando de uma ocorrência em 70% das unidades de registro em Hardin *et al.* (2012) a 87% em Lodish *et al.* (2013). O segundo conceito mais frequente, muito abaixo do molecular clássico, foi o gene-P, variando de 4% das unidades em Cooper e Hausmann (2013) a 17% em Alberts *et al.* (2008). Merecem destaque, ainda, as ocorrências da concepção informacional, cuja frequência nos livros se situou entre 2% (em LODISH *et al.*, 2013) e 5% (em KARP, 2013).

O conceito molecular clássico foi encontrado de maneira bem distribuída em todas as unidades de contexto encontradas em cada livro, o que indica a prevalência do modelo molecular de função gênica, sendo, em todos os contextos, o mais frequente, mostrando como ele fornece o eixo central da explicação sobre genes fornecida pelos livros, tanto no nível macro (focado sobre o fenótipo, numa visão distal em relação ao gene) quanto no nível micro (focado sobre o genótipo e, assim, sobre o gene molecular, numa visão proximal).

O conceito de gene-P, por sua vez, foi encontrado com bastante frequência no contexto “genética médica” (variando de 55% de suas ocorrências em ALBERTS *et al.*, 2008, a 81% em KARP, 2013), como esperado, mas também foi usado em diversos contextos abordados pelos livros. De maneira consistente, a função de causar ou determinar fenótipo foi mais encontrada no mesmo contexto (variando de 45% em ALBERTS *et al.*, 2008, a 72% em COOPER; HAUSMANN, 2013), embora presente em outros contextos.

Nossos achados no presente estudo, em que analisamos livros do ensino superior, se diferenciam dos resultados obtidos por Santos e El-Hani (2009) e Santos *et al.* (2012), numa investigação sobre livros didáticos brasileiros destinados ao ensino médio de biologia. Nestes livros, a prevalência do conceito de gene-P, o mais empregado em 12 das 18 obras didáticas analisadas, foi maior do que a do conceito molecular clássico. Este último foi o mais frequente em apenas 4 livros didáticos do ensino médio. Contudo, tanto este conceito quanto a concepção informacional se mostraram muito frequentes na maioria dos livros.

Além disso, a concepção informacional se mostrou mais frequente naqueles livros do ensino médio do que nos livros de ensino superior analisados no presente trabalho, provavelmente em decorrência de seu uso como um meio mais acessível de explicar o que é e como funciona um gene.

A categoria “outros” abrange as unidades de registro que não se adequavam a nenhuma categoria de conceito de gene proposta, mas que também não tinham número suficiente para formar uma própria categoria, como ilustra o trecho abaixo retirado da unidade contexto “genética de eucariotos” do livro didático *Molecular Cell Biology*:

The phenomenon of genes occurring in the same order on a chromosome in two different species is referred to as conserved synteny (derived from Latin for “on the same ribbon”). The presence of two or more genes in a common chromosomal region in two or more species indicates a conserved syntenic segment. (LODISH *et al.*, 2013, p.268)<sup>94</sup>

---

<sup>94</sup> No original: The phenomenon of genes occurring in the same order on a chromosome in two different species is referred to as conserved synteny (derived from Latin for “on the same ribbon”). The presence of two or more genes in a common chromosomal region in two or more species indicates a conserved syntenic segment.

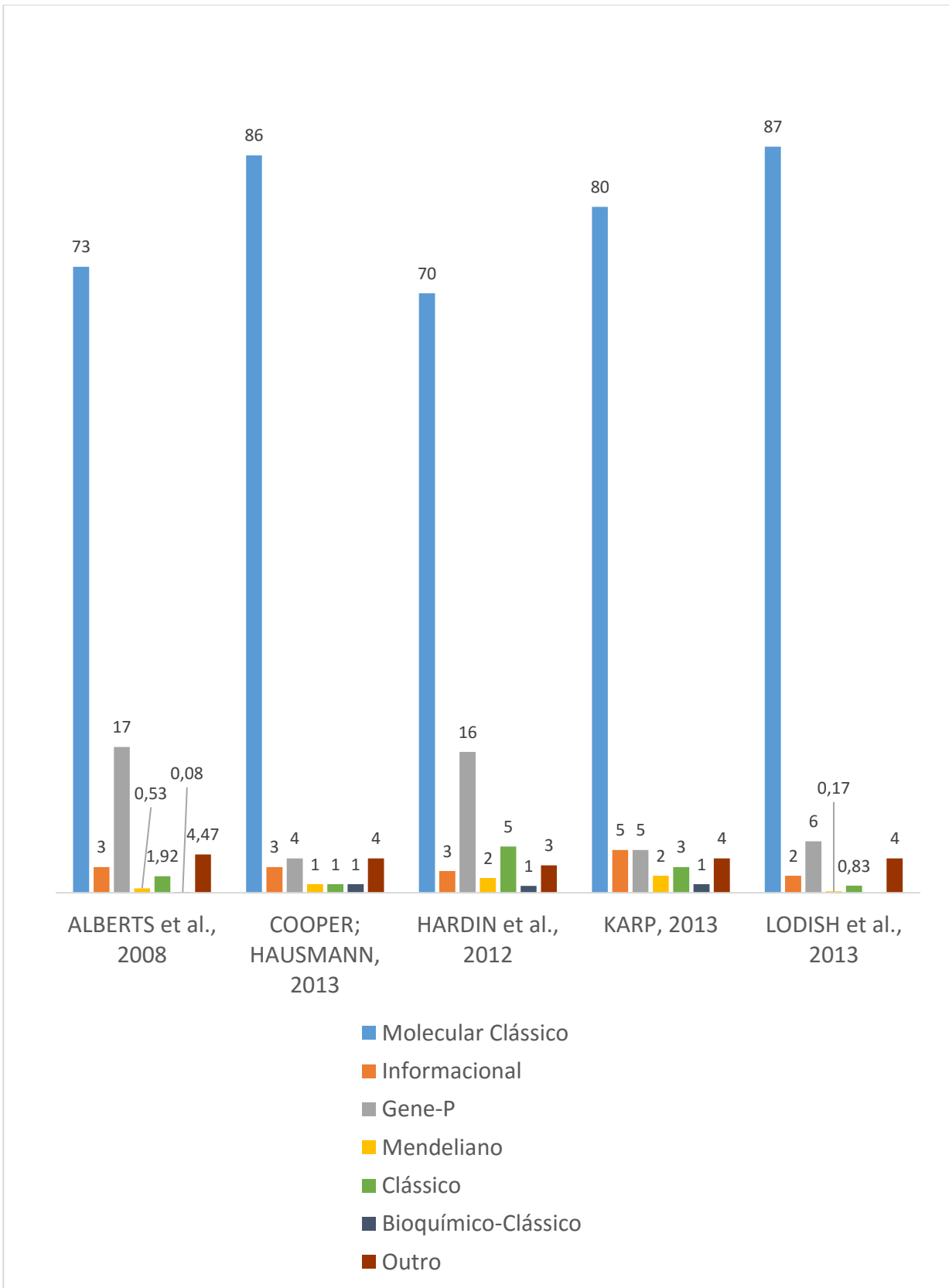


Figura 40: Frequência de ocorrências das unidades de registro categorizadas pelo conceito de gene nos livros didáticos analisados.

Os achados do presente trabalho também se diferenciam daqueles obtidos por Pitombo *et al.* (2008a,b), que analisaram edições anteriores de três dos livros incluídos na investigação aqui relatada (Alberts *et al.*, Lodish *et al.* e Karp), mas encontraram maior prevalência da concepção informacional nos dois primeiros livros e do conceito mendeliano no último. Nos três livros, contudo, este estudo anterior relatou uma grande frequência do conceito molecular clássico. Essas diferenças não são devidas a mudanças ocorridas ao longo das edições dos livros, mas a mudanças nos procedimentos metodológicos que utilizamos, que tornam os resultados mais confiáveis no presente estudo.

Quanto às funções atribuídas ao gene (Figura 41), houve em todos os livros um predomínio da atribuição característica do conceito molecular clássico, a de codificação de sequências de nucleotídeos em RNAs ou aminoácidos em polipeptídios (variando de 49%, em HARDIN *et al.*, 2012, a 66%, em ALBERTS *et al.*, 2008), de modo consistente com a prevalência daquele conceito. Esta atribuição de função aos genes foi encontrada praticamente em todos os contextos de todos os livros didáticos analisados como a categoria mais frequente.

Houve, contudo, uma frequência considerável de outras funções, como a de causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica, próxima do conceito de gene-P (variando de 16% em HARDIN *et al.*, 2012, e LODISH *et al.*, 2013, a 23% em KARP, 2013, e COOPER; HAUSMANN, 2013). Esse achado foi compatível com o fato de este último conceito foi o segundo mais frequente nos livros. Outra função encontrada com certa frequência foi a de controlar o metabolismo, que também veicula uma visão gene-cêntrica e determinista, com uma frequência que variou de 6% em Alberts *et al.* (2008) a 22% em HARDIN *et al.* (2012). As duas últimas funções foram amplamente utilizadas no contexto “genética médica”.

Na categoria “outras” foram classificadas, de forma indutiva, as unidades de registro nas quais a função atribuída ao gene não era nenhuma das opções de categoria propostas, mas cujas frequências não justificariam a criação de novas categorias. Temos como exemplo da ocorrência da categoria “outras” o

trecho abaixo retirado do contexto “engenharia genética” do livro didático *Becker's World of the Cell*:

Restriction enzymes therefore tend to cleave DNA into fragments that typically vary in length from several hundred to a few thousand nucleotide pairs — gene-sized pieces, essentially. Such pieces are called restriction fragments. (HARDIN *et al.*, 2012, p. 521)<sup>95</sup>

---

<sup>95</sup> No original: Restriction enzymes therefore tend to cleave DNA into fragments that typically vary in length from several hundred to a few thousand nucleotide pairs — gene-sized pieces, essentially. Such pieces are called restriction fragments.

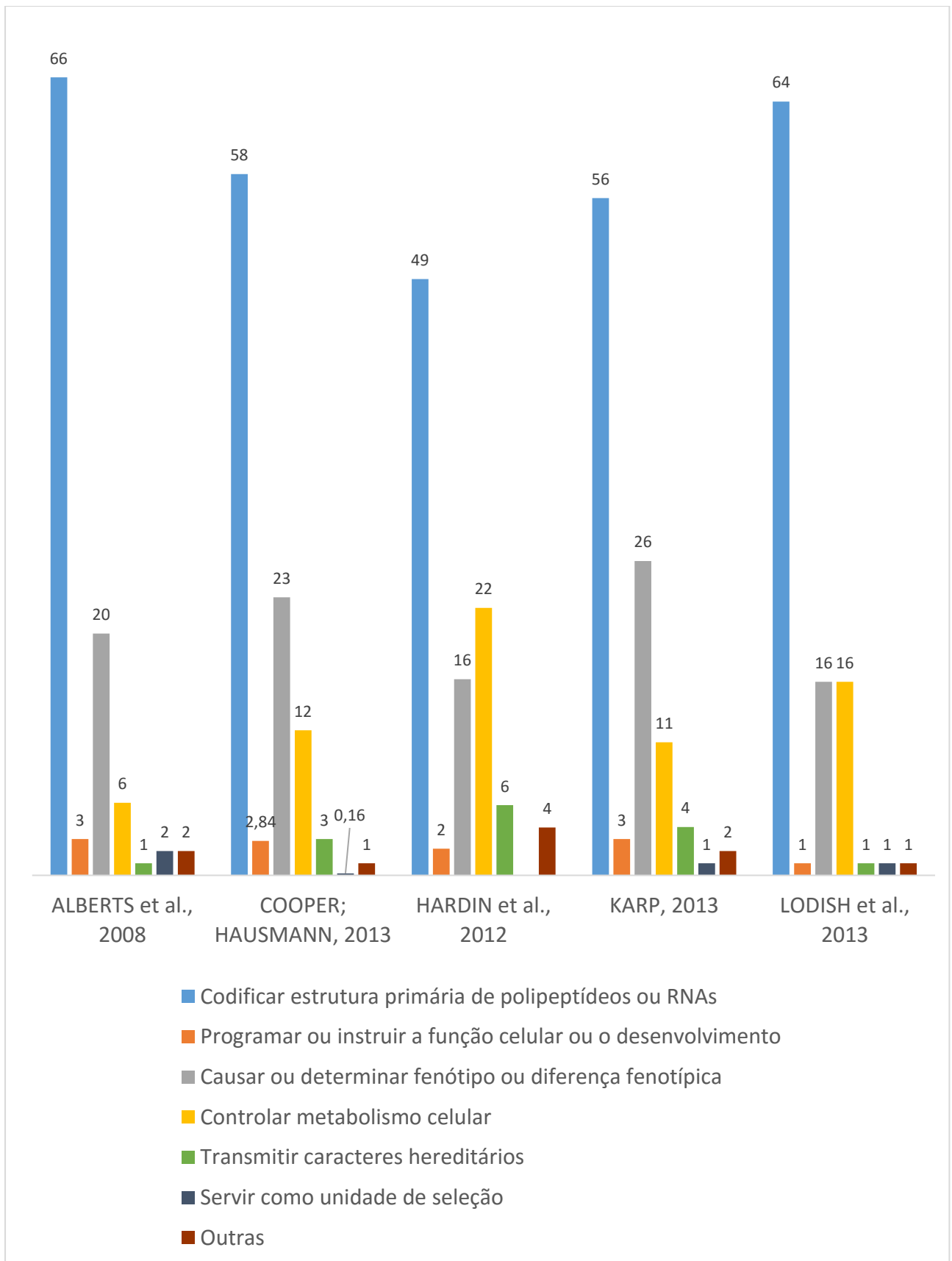


Figura 41: Frequência de ocorrências das unidades de registro categorizadas pela função atribuída ao gene nos livros didáticos analisados.



A função de transmitir caracteres hereditários, vinculado ao conceito mendeliano, foi encontrada com baixa frequência nos livros, variando de 1% em Alberts *et al.* (2008) e Lodish *et al.* (2013) a 6% em Hardin *et al.* (2012). O mesmo foi observado no caso da função de programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento, com caráter determinista e associada à concepção informacional, que variou de 1% em Lodish *et al.* (2013) a 3% em Alberts *et al.* (2008), Karp (2013) e Cooper e Hausmann (2013).

Quanto aos resultados relativos às ideias sobre função gênica, também há importantes diferenças em relação aos resultados obtidos por Santos e El-Hani (2009) e Santos *et al.* (2012), com livros didáticos de biologia do ensino médio publicados no Brasil. Nesses livros, a função mais frequentemente atribuída aos genes foi a de causar ou determinar fenótipos ou diferenças fenotípicas, seguida pela de codificar a estrutura primária de polipeptídios ou RNAs. Por sua vez, os achados são mais similares àqueles obtidos por Pitombo *et al.* (2008a,b), em sua análise de edições anteriores de três dos livros investigados no presente estudo: nos três livros, prevaleceu naquele estudo a função de codificação.

A ocorrência do conceito molecular clássico em si mesma não constitui um problema, uma vez que este pode ser considerado um conceito útil como aproximação ao significado do gene em diversas situações. Este é o caso típico, por exemplo, dos genes de procariotos e de parte dos genes de eucariotos (de maneira variável, a depender dos organismos que se está considerando). Além disso, em tratamentos mais simplificados da ação proximal dos genes, que podem ser justificados quando se está fornecendo aos alunos uma visão introdutória à biologia celular e molecular, no começo de uma progressão de aprendizagem, pode-se fazer uso desse conceito. Contudo, na ausência de uma discussão mais crítica a seu respeito, que o situe historicamente, a aprendizagem a seu respeito, mesmo em contextos nos quais pode ser útil, pode levar a efeitos indesejados, como, por exemplo, a promoção de uma visão gene-cêntrica e determinista genética, ou de uma compreensão simplista e equivocada dos sistemas genéticos.

Tampouco o uso do conceito de gene-P em si é um problema, na medida em que este é, também, uma aproximação útil numa visão distal do gene a partir do fenótipo em certas interpretações e explicações comuns no campo da genética médica, como nos casos em que se interpretam distribuições de características (em especial, patologias) em genealogias familiares ou se busca identificar genes candidatos a partir de tal interpretação. A utilidade do gene-P na genética médica decorre da coordenação, nesse campo, do conceito de gene com o conceito de fenótipo (BURIAN; KAMPOURAKIS, 2013) e, além disso, do fato de que os fenótipos de interesse não são, nesse caso, definidos ao nível do DNA, mas (se forem definidos em termos moleculares) ao nível das proteínas ou por meio de atributos funcionais decorrentes da bioquímica das proteínas relevantes. Assim, uma perspectiva distal sobre os genes, na qual eles são delimitados de maneira instrumental com base no fenótipo, pode mostrar-se suficiente, e, por conseguinte, pode tornar-se aceitável a simplificação propiciada por uma suposição determinista, de acordo com a qual o gene de interesse é um construto que se supõe determinar o fenótipo de interesse, mesmo que, ao nível do DNA, não se possa isolar uma entidade com tal papel determinante. Para que essa explicação seja aceitável, é preciso, contudo, que se esteja lidando com um fenótipo particular, adequadamente especificado, porque, de outro modo, não se poderá definir qualquer gene instrumental a partir do fenótipo.<sup>96</sup>

Em termos históricos, o gene-P está relacionado à compreensão dos genes na genética clássica, como unidades definidas a partir do fenótipo, mais especificamente, a partir de regularidades na herança de traços fenotípicos, identificadas na análise de cruzamentos e genealogias. No entanto, o termo “gene” era então entendido como um instrumento para o cálculo de cruzamentos, sem referência a uma entidade real (FALK, 1986). Era nesse contexto que a

---

<sup>96</sup> Isso explica porque há problemas graves em explicações genéticas de traços que são mal especificados, como, por exemplo, agressividade, inteligência ou homossexualidade. Como Rose (1995, 1996) discute, o determinismo genético segue com frequência de uma série de suposições reducionistas dificilmente defensáveis, como a reificação, aglomeração arbitrária e quantificação inapropriada de traços para os quais se define então “genes para”. Contudo, a delimitação de tais genes não faz sentido se a própria especificação do traço fenotípico for duvidosa, porque será igualmente duvidosa a demarcação de um suposto gene a partir do traço.

suposição de determinação do fenótipo pelo genótipo operava. Como escrevem Burian e Kampourakis (2013, p. 603), o conceito mendeliano do gene (por eles adjetivado de “puro”) “... era ‘ateórico’ no sentido de que não assumia quaisquer compromissos específicos sobre ‘o que é um gene’ além de que ele determinava a herança de traços hereditários específicos num padrão específico”. Ou seja, usando outros termos empregados por estes autores, o conceito mendeliano de gene é um conceito “esquemático” ou “referencialmente indefinido”, no sentido de que deixa o referente exato do termo “gene” em aberto. Era, assim, por exemplo que o criador do termo “gene”, Wilhelm Johannsen, o utilizava:

a palavra “gene” é inteiramente livre de quaisquer hipóteses; ela expressa apenas o fato evidente de que, em qualquer caso, muitas características do organismo são especificadas nos gametas por meio de condições, fundações e determinantes especiais que estão presentes de maneiras únicas, separadas e, portanto, independentes – em suma, precisamente o que desejamos chamar genes (JOHANNSEN, 1909, citado por CARLSON, 1966, pp. 20-22).

“Gene” era, para Johannsen, um termo muito útil, mas sem correspondente material que pudesse ser relacionado a ele com qualquer grau de confiança. Ele admitia que a hereditariedade é baseada em processos físico-químicos, mas questionava a concepção do gene como uma estrutura material, afirmando que “o gene deve [...] ser usado como um tipo de unidade de cálculo ou contabilidade [*Rechnungseinheit*]” (JOHANNSEN, 1909, citado por Falk, 1986).

Quando a teoria cromossômica da herança se tornou largamente aceita, a partir da década de 1910, alguns geneticistas mendelianos assumiram visões realistas e materialistas sobre genes, enquanto outros não as assumiram. Por mais que a resposta à questão de onde nas células os genes estão localizados, aparentemente de caráter realista, tenha sido central para o sucesso da teoria cromossômica, um cientista tão central em sua construção como Thomas Hunt Morgan se manteve ambivalente sobre o estatuto material ou instrumental dos genes (FALK, 1986). A genética da transmissão levou a explicações cada vez mais bem delimitadas do material que compunha os genes, eventualmente

focando na proteína ou ribonucleoproteína contida no locus gênico (BURIAN; KAMPOURAKIS, 2013). Isso pavimentou o caminho para o modelo da dupla hélice e foi somente a partir dele, na década de 1950, que a grande maioria dos geneticistas aceitou a visão materialista e realista do gene (FALK, 1986) e, assim, o gene passou a ser um conceito específico, com uma referência clara a um trecho determinado de DNA.

O conceito de gene-P, tal como definido por Moss (2001, 2003), também é um conceito esquemático, referencialmente indefinido, uma vez que um gene-P é um determinante de fenótipos ou diferenças fenotípicas, sem correspondência a uma sequência molecular específica no DNA. No entanto, diferentemente do conceito mendeliano, que tem um valor mais histórico, não sendo frequentemente usado em práticas de pesquisa atuais, o gene-P continua presente não somente no trabalho científico, mas, de modo bastante influente, no discurso atual sobre genes. A questão a considerar, então, é que a compreensão da estrutura e da função do material genético a um nível molecular levou não somente à plena aceitação de uma visão realista sobre o gene nos anos 1950 (FALK, 1986), mas também, algumas décadas depois, a um questionamento sobre a suposição de determinação, que hoje não se sustenta em tal visão realista. Então, o que pode ser considerado um problema não é a referência, em si mesma, ao conceito de gene-P, mas a ausência de uma discussão clara sobre o fato de que se trata de um conceito instrumental vinculado a certas tarefas epistêmicas da pesquisa genética, no contexto de um certo modo de modelar genes e seu papel nos sistemas vivos, que tem uma origem histórica clara e continua sendo importante em alguns campos da pesquisa genética atual (em especial, na genética médica, na genética clínica, no melhoramento genético, entre outros).

Não encontramos uma tal discussão clara sobre o gene como determinante de fenótipos em qualquer um dos livros e, mais do que isso, observamos uma grande sobreposição de propriedades atribuídas ao gene na perspectiva do gene-P, como a de determinar fenótipos, a uma interpretação molecular. Desse modo, perde-se de vista a natureza instrumental da ideia de que genes determinam fenótipos e passa-se a assumir em termos realistas, no contexto da ação proximal do gene molecular, uma visão determinista que não

se sustenta para além da relação entre sequências de nucleotídeos em mRNAs maduros e sequências de aminoácidos em proteínas.<sup>97</sup> Professores e estudantes são levados, assim, a perder de vista que, de uma perspectiva realista, genes fora do contexto não têm qualquer significado e não há – de novo em termos realistas – “genes para traços”, nem mesmo no caso de erros inatos do metabolismo ou traços monogênicos. Usando os termos de Moss (2001, 2003), nenhum gene-D pode ser apropriadamente entendido como um “gene para um traço”. Como os efeitos de um gene-D dependem do contexto biológico e, com frequência, da história do organismo, eles são “indeterminados em relação ao fenótipo” (MOSS, 2003, p 45). Mesmo que uma mudança específica de um nucleotídeo no DNA possa resultar numa mudança notável num traço, muitos sítios no DNA, na célula e no organismo, como um sistema complexo e integrado com o ambiente, estão envolvidos na causação complexa de um traço (FALK, 2014). Ou seja, se podemos dizer, por um lado, que a expressão “gene para um traço” é uma abreviação para a expressão “um *locus* no qual variação de sequência causa uma diferença no fenótipo, tudo o mais sendo igual (KNIGHT, 2007, p. 298), trata-se, por outro lado, de uma expressão a ser usada com valor apenas instrumental em determinadas inferências na pesquisa e no ensino de genética, não devendo ser confundida com um correspondente material, real.

Por fim, a concepção informacional é a mais problemática entre as ocorrências de interpretações sobre o gene, quando considerada em si mesma, ainda que também possa ser vista como uma maneira interessante de introduzir ideias bastante básicas sobre os genes, como aquelas relacionadas à relação entre sequências de nucleotídeos e de aminoácidos e, por decorrência, à transcrição, tradução etc. Sintomaticamente, esta concepção tipicamente

---

<sup>97</sup> Ou seja, não há, em termos realistas, nada como um “gene para um traço” (digamos, um “gene para cor dos olhos azuis”) porque uma visão determinista não se sustenta para além dos fenótipos moleculares oriundos do material genético (BURIAN; KAMPOURAKIS, 2013). Além disso, vale a pena considerar que, em muitos casos, uma relação determinista não se sustenta nem mesmo entre sequências de nucleotídeos no DNA e sequências de aminoácidos em proteínas, dada a interveniência de fenômenos como o *splicing* alternativo e a edição de mRNA.

apareceu nas primeiras explicações sobre genes apresentadas pelos livros, nas quais se enfatizava a ideia dos genes como portadores de informações.

Não se pode perder de vista, contudo, possíveis implicações problemáticas do uso dessa concepção, uma vez que visões deterministas genéticas têm sido intimamente associadas a uma interpretação da informação genética em termos de uma correspondência unívoca entre genes, proteínas e traços fenotípicos, inicialmente postulada na genética mendeliana (considerando apenas genes e traços) e atualizada pela biologia molecular no modelo molecular-informacional (FOGLE, 1990; LEITE, 2007; SANTOS *et al.*, 2012; GERICKE *et al.*, 2014). Além disso, deve-se considerar que a concepção informacional está associada a uma ideia sobre função gênica de natureza determinista, a de programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento.

Tanto o conceito molecular clássico quanto a concepção informacional são intimamente conectados ao chamado “dogma central da biologia molecular” (CRICK, 1958)<sup>98</sup>, concebido como um fluxo de “informação” na célula desde o DNA até as proteínas, e mesmo além, em visões mais deterministas, como na expressão frequente do dogma como “DNA faz RNA, RNA faz proteínas, proteínas fazem a nós” (ver, *e.g.*, LEAVITT, 2010). Mais do que consequências fortuitas, tais visões deterministas são frequente se não tipicamente implicadas pelo próprio dogma central (ver BECHTEL; HAMILTON, 2007).

O que se entende por “informação” nesse caso é simplesmente informação sequencial em DNA, RNA ou proteínas (SARKAR, 1998a). O próprio Crick deixa isso claro, ao afirmar que “por informação, quero dizer a especificação da sequência de aminoácidos da proteína” (CRICK, 1958, p. 144,

---

<sup>98</sup> É interessante comentar que o próprio Crick afirmou que, desde o início, simplificações do dogma central em termos como “DNA faz RNA e RNA faz proteínas” eram inadequadas (comunicação pessoal, citada em SARKAR, 1998a, p. 315). Além disso, numa entrevista concedida a H. F. Judson, em 1975, Crick comenta que ele sequer sabia o que significava “dogma” quando introduziu a ideia, mas “dogma central” parecia uma boa frase de efeito (JUDSON, [1979]1996). Não é exatamente correto, em vista dessa declaração, dizer que Crick usou o termo “dogma” como uma piada, mas, seja como for, a frase de efeito que ele usou se tornou muito mais do que um slogan, vindo a ser um modo de pensar a informação genética em termos realistas (ver HOFFMEYER, 2002).

ver tb. p. 15). Para alguns autores, a compreensão da informação genética nesses termos é suficiente para dar conta de como o material genético propicia a informação usada para a síntese de outros materiais dentro da mesma célula ou organismo, com funções biológicas específicas (BURIAN; KAMPOURAKIS, 2013). Para outros, contudo, ela não é suficiente para dar conta do que seria “informação” genética. Griffiths (2001), por exemplo, argumenta que a expressão “informação genética” é ainda uma metáfora em busca de uma teoria. El-Hani *et al.* (2009) argumentam que, para construir uma teoria da informação genética, precisamos de mais do que a informação sequencial em ácidos nucleicos e proteínas, devendo elucidar o significado contexto-dependente das sequências de nucleotídeos e aminoácidos. A importância de uma teoria da informação biológica (e não apenas genética) é sugerida pelo largo uso de uma linguagem informacional nas ciências da vida, em campos tão distintos quanto a genética e a ecologia. Além disso, se considerarmos o papel de campos como a bioinformática na pesquisa biológica contemporânea, essa importância é ainda mais ressaltada. Por exemplo, Ideker *et al.* (2001) argumentam que a biologia é uma ciência informacional. Como discute Brenner (1999, p. 1963), necessitamos de “uma estrutura teórica que possa dar conta do fluxo da informação através dos sistemas biológicos”.

No esforço para fornecer fundamentos teóricos apropriados para a linguagem informacional na biologia, é particularmente importante enfrentar o desafio de distanciá-la de conotações deterministas que estiveram frequentemente associadas a ela. Como argumenta Oyama ([1985]2000), o determinismo genético é intimamente associado à interpretação da informação genética como informação sequencial no DNA que flui como descrito pelo dogma central da biologia molecular. Bechtel e Hamilton (2007) argumentam, similarmente, que o dogma central implica uma visão reducionista e gene-cêntrica que explicaria não somente fenótipos moleculares, mas também traços complexos, como, por exemplo, a agressividade ou o altruísmo. Como o determinismo genético é um elemento frequente no discurso social sobre genes, problemas relacionados aos conceitos de “gene” e “informação” têm consequências importantes para a compreensão pública da ciência e para uma série de questões sociais, econômicas e políticas. Assim, mesmo que se aceite

que a informação genética possa ser entendida apenas como informação sequencial, permanece o desafio de desacoplar esta ideia de visões deterministas.

Em termos gerais, podemos concluir que não é o uso em si de diferentes conceitos de gene e ideias sobre função gênica que trazem problemas ao ensino de biologia celular e molecular pautado nos livros analisados. Os problemas que identificamos decorrem sobretudo da ausência de uma abordagem histórica e filosoficamente informada sobre genes, ou seja, da ausência de uma abordagem contextual (*sensu* MATTHEWS, 2014) dos conteúdos de biologia celular e molecular, como voltaremos a discutir mais adiante. Em particular, faz falta nesses livros uma abordagem de ensino e aprendizagem sobre e com modelos, que permita distinguir conceitos de gene e ideias de função gênica, de modo que seus pertencimentos históricos, papéis epistêmicos e limites como modo de explicação se tornem claros para professores e alunos.

### **Definições explícitas de gene**

Um tipo de ocorrência especialmente importante das categorias analisadas nesse trabalho é encontrado em trechos nos quais os livros explicitam o modo como o termo “gene” deve ser entendido. Em Hardin *et al.* (2012, p. 14), um gene é definido em um trecho no corpo do texto com base no conceito molecular clássico e na concepção informacional. No glossário (HARDIN *et al.*, 2012, p. G-10) e em outro trecho no corpo do texto (HARDIN *et al.*, 2012, p. 650), uma definição distinta é encontrada, que está alinhada com o conceito molecular clássico, mas não de maneira inteiramente consistente, na medida em que admite a possibilidade de não haver uma relação unitária entre genes e produtos gênicos. Além disso, no caso da definição do glossário, há uma superposição com o conceito mendeliano.

Em Alberts *et al.* (2008), foram encontradas no corpo do texto duas definições explícitas de gene nos termos do conceito molecular clássico, apesar de uma delas trazer à baila o fenômeno dos genes interrompidos (ALBERTS *et al.*, 2008, p. 218) e a outra apresentar uma sobreposição do conceito mendeliano (ALBERTS *et al.*, 2008, p. 554). No glossário, contudo, temos uma definição que



combina elementos do conceito molecular clássico e da concepção informacional, mas também inclui aspectos que não estão presentes nesses conceitos, como a relação entre uma região de DNA e muitos produtos gênicos em fenômenos como o *splicing* alternativo (ALBERTS *et al.*, 2008, p. G-15). O reconhecimento de que uma região de DNA pode ser traduzida num conjunto de proteínas relacionadas, que encontramos no glossário e em outro trecho desse livro didático (no qual não se apresenta uma definição explícita de gene), é um aspecto importante de uma definição recente do termo (GERSTEIN *et al.*, 2007), o que pode ser explicado pelo fato de que o livro deriva implicações para nosso entendimento acerca dos genes a partir de desafios ao conceito molecular clássico.

Lodish *et al.* (2013) primeiro introduzem uma “definição mais simples”, que apela sobretudo à concepção informacional, ainda que sobreposta ao conceito molecular clássico, como meio de apresentar de modo mais acessível o que seria um gene (LODISH *et al.*, 2013, p. 124). Mais adiante, eles discorrem sobre complicações envolvidas na definição de gene, o que leva a uma distinção entre uma “definição genética” e uma “definição genômica” (LODISH *et al.*, 2013, p. 227). Os autores não explicitam o que seria a “definição genética” de gene, mas deixam subentendido que seria uma definição na qual um mRNA codifica uma única proteína. De acordo com a definição “genômica”, um gene seria toda a sequência de ácido nucleico necessária para a síntese de um produto gênico, incluindo não somente a região codificante, mas também sequências regulatórias (LODISH *et al.*, 2013, p. 225). Esta é uma definição que implica muitos problemas, dada a elevada superposição de genes que acarreta, entre outras dificuldades. No glossário, a chamada definição “genômica” de gene é reiterada, mas de uma maneira que combina concepção informacional, conceito molecular clássico e conceito mendeliano.

No glossário de Karp (2013), encontramos uma definição de gene que mistura conceito mendeliano, concepção informacional, gene-P e conceito molecular clássico, comprometendo-se com ideias deterministas genéticas. Num trecho encontrado no corpo do texto, uma abordagem histórica das mudanças sofridas pelo conceito de gene apresenta o conceito molecular clássico como culminância da busca pela elucidação do que seria um gene, misturando-o com

o conceito de gene-P, novamente com conotações deterministas (KARP, 2013, p. 426).

Em Cooper e Hausmann (2013), são encontradas três definições de gene (duas no corpo do texto, p. 155 e p. 162, e uma no glossário), todas comprometidas com o conceito molecular clássico. Apenas no caso da definição presente no glossário, o conceito mendeliano se superpõe àquele outro conceito.

Ao analisarmos os trechos dos livros em que genes são definidos explicitamente, podemos perceber, de um lado, uma predominância, como esperado e como observado no restante do livro, do conceito molecular clássico, mas, de outro, também uma variação conceitual no entendimento do que são genes, mas não de uma maneira que delimite claramente os significados dos diferentes conceitos. Se analisamos como os livros definem genes em diferentes partes do corpo do texto e no glossário, podemos perceber ambiguidades e tensões entre as distintas definições propostas. Inconsistências no modo como genes são definidos em distintas partes de um livro didático foram também encontradas em outros estudos.<sup>99</sup> Um resultado possível do uso dos livros analisados na presente investigação é a promoção, entre estudantes e professores, de uma visão acerca dos genes marcada por confusões conceituais e ambiguidades. Contudo, uma visão mais coerente (mas não menos problemática) do gene como unidade estrutural e funcional no DNA, com o papel de determinar características fenotípicas, controlar as funções celulares e programar o desenvolvimento, também pode resultar do uso desses livros, em vista do largo predomínio do conceito molecular clássico, frequentemente sobreposto a visões deterministas genéticas.

---

<sup>99</sup> No caso de livros de biologia do ensino médio, ver Gericke (2008), Gericke e Hagberg (2010a,b); Santos *et al.* (2012); Burian e Kampourakis (2013), Gericke *et al.* (2014). No caso de livros introdutórios de biologia do ensino superior, ver Flodin (2009); Burian e Kampourakis (2013). O modo como estudantes compreendem o uso de múltiplos modelos de função gênica em livros didáticos de biologia do ensino médio foi investigado por Gericke (2008) e Gericke *et al.* (2013).

## **A ausência de uma abordagem histórica e filosófica dos conceitos de gene e suas consequências**

Como mencionamos acima, o principal problema encontrado nos livros didáticos analisados é a ausência de uma abordagem histórica e filosoficamente informada, que torne possível que professores e estudantes lidem de modo consciente com modelos de função gênica e conceitos de gene claramente distinguidos.

O fato de que o conceito molecular clássico de gene tem sido tão influente desde a década de 1950, graças ao modo como unificou a compreensão da estrutura e da função dos genes e impulsionou o programa de pesquisa da biologia molecular (FALK, 1986, FOGLE, 1990, KELLER, 2000; EL-HANI, 2007), explica porque ele é, em todos os livros analisados, o fio condutor das explicações sobre genes e seu papel nos sistemas vivos. Contudo, não se pode perder de vista que cientistas que atuam em diferentes disciplinas biológicas, lidando com questões de pesquisa distintas, assumem diferentes conceitos de gene, com importantes diferenças em seu uso (por exemplo, no que diz respeito aos limites, à localização precisa e aos tipos de funções biológicas que podem ser atribuídas aos genes) (STOTZ *et al.*, 2004; BURIAN; KAMPOURAKIS, 2013). Estes diferentes conceitos e usos do gene podem ser entendidos a partir dos diferentes papéis desempenhados pelo material genético em diferentes escalas e contextos, bem como dos diferentes fenótipos de interesse para determinadas comunidades científicas, de modo que não se trata de uma questão de qual conceito ou uso estaria certo ou errado, mas de interesses e objetivos de pesquisa distintos (BURIAN; KAMPOURAKIS, 2013).

Contudo, a transposição de ideias pertinentes em determinadas escalas e contextos para outras escalas e contextos frequentemente se mostra problemática, como podemos ilustrar com a distinção importante entre uma visão distal (na qual uma simplificação instrumental determinista se mostra mais aceitável) e uma visão proximal da ação gênica (na qual aquela simplificação não é aceitável). Isso indica que se pode esperar dificuldades quando se assume um conceito de gene focado numa interpretação molecular, como o conceito molecular clássico, como fio condutor de uma exposição sobre genes, a não ser

que se construa tal exposição de maneira histórica e filosoficamente cuidadosa, permitindo que professores e estudantes tenham clareza acerca dos contextos disciplinares e das escalas em que se está trabalhando a cada momento. Isso se tornará possível se modelos de função gênica e conceitos de gene forem abordados de modo explícito, organizado e historicamente situado ao longo da exposição (GERICKE; HAGBERG, 2007; SANTOS *et al.*, 2012; GERICKE *et al.*, 2014).

Afinal, não podemos esperar que professores e estudantes façam as distinções sofisticadas sobre significados e usos do conceito de gene que pesquisadores atuando dentro de comunidades disciplinares fazem, em virtude de sua formação especializada (GERICKE *et al.*, 2014). Sem que os livros didáticos apresentem as distinções necessárias de maneira explícita, o resultado mais provável é um amálgama de propriedades atribuídas aos genes em diferentes conceitos sobre o gene molecular, consolidando uma suposta visão única sobre o gene, a qual não tem, contudo, correspondente na prática científica, nem passada nem presente. Na prática científica, a situação é bem mais complexa, como mostram, por exemplo, casos em que uma única região do DNA pode ser entendida como pertencente a genes distintos. Considere-se, digamos, o caso de dois genes superpostos no mesmo trecho de DNA, no qual um ou outro gene pode ser identificado, a depender da questão de pesquisa, do conceito de gene que se está empregando e do modo como aquele trecho de material genético é usado pelas células.

Burian e Kampourakis (2013) distinguem entre dois tipos de conceito de gene. De um lado, conceitos esquemáticos, como o conceito mendeliano e o de gene-P, que dão sentido a continuidades conceituais na história da genética e, assim, à própria disciplina da genética, com o gene como seu objeto de estudo. Contudo, esses conceitos esquemáticos são muito genéricos para delimitar a que especificamente estamos fazendo referência quando falamos de “gene”. Assim, conceitos mais específicos, comprometidos com hipóteses sobre a localização e a estrutura do gene, também são necessários, estabelecendo com maior precisão e clareza a referência do termo “gene”, embora às custas da continuidade conceitual.

Houve um período, nos anos 1950 e 1960, em que o conceito molecular clássico parecia especificar uma referência única do termo “gene” no DNA, como uma unidade estrutural e funcional bem delimitada, com começo e fim bem definidos, localização constante, um produto único e com função bem demarcada, produzido por meio de mecanismos bem compreendidos. Contudo, os desafios ao conceito molecular clássico minaram a especificidade de sua referência, na medida em que mostraram que o vocabulário sobre genes é mal definido e não captura um grupo bem delimitado de entidades. Esta é, no fundo, a crise do conceito de gene.

Minimamente, esses desafios implicam a aceitação de um par de conceitos específicos de gene, um referente ao material genético, outro referente à expressão da informação genética, como argumentam Burian e Kampourakis (2013). É claro que, de uma perspectiva histórica, isso implica uma série de conceitos de gene, já que a compreensão desses dois aspectos se transformou ao longo do tempo, resultando em conceitos históricos como o conceito mendeliano, o clássico, o bioquímico-clássico e o próprio conceito molecular clássico. Além disso, conceitos instrumentais ou esquemáticos, como o de gene-P, continuam a ter uso na pesquisa e explicação genética. A distinção que Burian e Kampourakis propõem tem como foco uma interpretação molecular e realista do gene, mostrando-se bastante similar a propostas encontradas na literatura científica, como a de Scherrer e Jost (2007a,b), que distinguem entre função gênica e mecanismos de armazenamento e expressão da informação genética, numa tentativa de compreender dois aspectos envolvidos na produção de polipeptídeos, codificação e regulação. Para esses autores, o significado do gene está restrito ao aspecto funcional, o que os leva a situá-lo no mRNA maduro, no qual pode ser identificada uma sequência de nucleotídeos que corresponde a uma unidade funcional.

Esta pode ser, de fato, a única maneira de definir precisamente genes a um nível molecular. Como Burian e Kampourakis (2013) discutem, a delimitação de genes ao nível do DNA depende de todo o sistema de processamento de DNA, RNA e proteínas. Isso implica lidar com as interações de todas as macromoléculas e elementos regulatórios relevantes, dentro de seus contextos fisiológicos, para estabelecer definições precisas de genes e funções gênicas ao

nível do DNA. Para eles, a consequência é que definições precisas de genes devem ser abandonadas, porque haveria simplesmente muitos tipos de genes, delimitados de muitas maneiras diferentes, tornando impossível que qualquer caracterização única funcione.

Um dos maiores, se não o maior desafio de um livro didático de biologia celular e molecular no contexto contemporâneo é, então, veicular uma visão precisa sobre genes e funções gênicas diante da complexidade e do dinamismo dos genomas e dos sistemas celulares. Não é uma tarefa fácil, sobretudo se uma definição única de gene, que delimite com alguma precisão a que se está fazendo referência, não puder ser usada. Uma solução possível seria abandonar o conceito de gene, substituindo-o por outros conceitos que possam dar conta da tarefa (como proposto por KELLER, 2000, 2010; KELLER; HAREL, 2007; BURIAN; KAMPOURAKIS, 2013). Mas isso implicaria reescrever toda a biologia celular e molecular e toda a genética, algo pouco provável, se não impensável. Outra solução seria tentar recuperar a ideia do gene como uma unidade funcional mais claramente demarcável através da localização dos genes no RNA, e não no DNA. Não se trata, sem dúvida, de uma decisão trivial, porque implica retirar do gene os aspectos de permanência e estabilidade que o tornam a base material da herança (EL-HANI; MEYER, 2013). Este pode ser, contudo, um preço menor a pagar do que o abandono de qualquer definição precisa de gene a um nível molecular, ou a reinvenção da genética e biologia celular e molecular por meio de uma linguagem que não fale mais de genes.

Não deve causar surpresa, decerto, que a ideia de genes como unidades funcionais no mRNA maduro não seja encontrada nos livros didáticos analisados, já que não faz parte do conhecimento aceito no campo da biologia celular e molecular. Mas como os livros lidam, então, com a enorme dificuldade de especificar com suficiente precisão o que é um gene a um nível molecular? A resposta é: eles simplesmente não lidam com tal dificuldade, porque não a reconhecem, malgrado abordarem a grande maioria dos achados da pesquisa genética e molecular que resultaram nela. Apesar de um ou outro trecho em que hesitações a respeito aparecem, eles simplesmente mantêm a ideia de que o conceito molecular clássico pode ser suficientemente específico para fixar claramente a referência do termo “gene”, o que se reflete no papel desse

conceito como fio condutor de sua exposição sobre genes. A questão que fica, então, é por que esta não seria uma boa saída.

Nossos achados fornecem uma resposta. Os livros fazem referência a conceitos de gene de importância histórica, como o mendeliano, o clássico, o bioquímico-clássico, inclusive misturando conceitos esquemáticos, como o mendeliano, com conceitos específicos, como o clássico, o bioquímico-clássico, ou o molecular clássico; fazem uso de um conceito instrumental e esquemático do gene como determinante de fenótipos (gene-P), frequentemente superpondo-o a uma interpretação molecular realista e específica; e apresentam aos estudantes os desafios que minam a possibilidade de aceitar o conceito molecular clássico como um conceito específico de gene, mas não derivam deles quaisquer implicações conceituais, com raras exceções ao longo de suas muitas páginas. Assim, o conteúdo dos próprios livros mostra como, no contexto atual, o conceito molecular clássico não tem mais a especificidade de referência que os livros sugerem, ou seja, ele tipicamente não se refere a uma entidade claramente especificável no DNA. Não obstante, essa implicação de seu próprio conteúdo não é reconhecida nos livros. Eles apelam página após página ao conceito molecular clássico como se pudesse dar conta de uma diversidade de conteúdos trabalhados ao longo da exposição sobre biologia celular e molecular, por meio de um discurso contínuo sobre o “gene”, como se esse termo tivesse sempre a mesma referência.

Duas consequências mais graves decorrem disso: primeiro, a suposição da determinação do fenótipo pelo gene, que não é consistente com uma interpretação molecular do gene e de sua ação proximal, é superposta a esse discurso contínuo sobre o “gene”; segundo, os desafios ao conceito molecular clássico não são mobilizados para colocar em xeque seu significado específico, o que levaria a reconhecer o problema contemporâneo do conceito de gene, a dificuldade de definir precisamente um gene ao nível do DNA, a necessidade de distinções entre codificação e regulação, ou entre função gênica e armazenamento e expressão da informação genética, e, finalmente, o fato de que o gene é hoje um conceito em fluxo, em transformação, com várias reações às dificuldades de sua compreensão e várias alternativas para entender seu significado presentes na literatura contemporânea (JOAQUIM; EL-HANI, 2010;

MEYER *et al.*, 2013). Não vemos razão para que estudantes de ciências biológicas e da saúde não tenham contato com a situação atual do conceito de gene e, mais do que isso, julgamos que há bons motivos para considerá-la tendo em vista sua educação como cidadãos, como discutiremos mais à frente.

Na exposição sobre genes dos livros analisados, os conhecimentos científicos abordados não são apresentados num panorama histórico e epistemológico explícito e sistematizado. Há um silêncio em torno de aspectos históricos, filosóficos e, também, sociais.<sup>100</sup> Questões históricas e epistemológicas como as que discutimos acima não têm espaço e a variação conceitual em torno do termo “gene”, embora presente, permanece implícita e desestruturada ao longo da exposição. As teorias e os modelos que estão sendo discutidos nos livros são apresentados como simples descrições da realidade. Ou seja, o papel de teorias e modelos como representações da realidade é outro aspecto silenciado nesses livros. Em vez disso, eles usam sistematicamente construções que associam de modo bastante direto conhecimento e realidade, como, por exemplo, “o gene é um segmento de DNA”, como se, ao tratar de genes e de suas funções, estivessem simplesmente descrevendo a realidade num nível molecular. Nenhum dos cinco livros faz referência explícita ao fato de que estão lidando com modelos de função gênica (GERICKE; HAGBERG, 2007) e conceitos de gene (GRIFFITHS; NEUMANN-HELD, 1999; STOTZ *et al.*, 2004; EL-HANI, 2007; BURIAN; KAMPOURAKIS, 2013). Parece bastar um apelo ao conceito molecular clássico, como conceito esquemático de gene, ao qual todos os significados que são atribuídos nos livros ao termo “gene” se vão amalgamando.

Em cinco trechos, sobretudo quando tratam de modelos como o da dupla hélice ou o modelo de regulação gênica de Jacob e Monod, os livros chegam mais

---

<sup>100</sup> Numa análise retórica crítica dos textos de genética em livros didáticos de ciências do ensino fundamental publicados no Brasil, Nascimento e Martins (2005) identificaram um silêncio em torno de abordagens nas quais história e filosofia da ciência constituem eixos organizadores do currículo e nas quais relações entre ciência, tecnologia e sociedade (CTS) são contempladas. Ambos os silêncios estão presentes nos livros que analisamos e, como discutiremos mais adiante, sua incorporação contribuiria para um papel mais favorável desses materiais instrucionais numa educação de futuros profissionais das ciências biológicas e da saúde como cidadãos.



próximos de considerar explicitamente modelos ao abordar o gene. O trecho abaixo, do livro de Karp, fornece um exemplo:

O modelo Watson-Crick da estrutura do DNA sugeriu uma maneira como as duas primeiras dessas três funções genéticas [(1) armazenamento da informação genética, (2) replicação e herança e (3) expressão da mensagem genética], poderiam ser realizadas. O modelo apoiou fortemente a suspeita de que o conteúdo informacional do DNA residia na sequência linear de suas bases. Um dado segmento de DNA corresponderia a cada gene. (KARP, 2013, p.396)<sup>101</sup>

Estas são, decerto, aproximações muito tímidas de uma consideração de modelos no texto didático. Num estudo sobre como livros didáticos de biologia do ensino médio de seis países distintos abordam os genes e suas funções, Gericke *et al.* (2014) relataram um resultado similar: o fato de que os livros estão lidando com conceitos e modelos aparece apenas de maneira implícita, o que pode levar estudantes e professores a confundirem modelos construídos para explicar fenômenos naturais com a própria natureza, em sua realidade. Desse modo, professores e estudantes não têm como compreender o modo como geneticistas, biólogos celulares e biólogos moleculares lidam com distintas questões sobre a estrutura e função do material genético. Como o modo como se compreende o material genético em diferentes contextos leva a proposições conflitantes sobre sua estrutura e função (BURIAN; KAMPOURAKIS, 2013), a ausência de uma abordagem histórica e filosoficamente explícita de modelos de função gênica e conceitos de gene favorece que a variação conceitual se torne confusão conceitual e ambiguidade.

Na ausência de uma abordagem explícita de teorias e modelos, diferentes modelos de função gênica e conceitos de gene não são distinguidos nos livros didáticos do ensino superior investigados. Disso resulta uma mistura indiscriminada, um amalgama de propriedades atribuídas aos genes em

---

<sup>101</sup> No original: The Watson-Crick model of DNA structure suggested a way in which the first two of these three genetic functions might be accomplished. The model strongly supported the suspicion that the information content of DNA resided in the linear sequence of its bases. A given segment of DNA would correspond to each gene.

diferentes modelos e teorias sobre o conceito molecular clássico, à medida que o uso do mesmo termo, “gene”, atua como um atrator das diversas propriedades, mesmo quando elas estão em tensão umas com as outras, ou requerem uma referência mais específica do termo. Podemos concluir, então, que a variação conceitual em torno do gene, como um aspecto próprio da história de um conceito científico usado tão amplamente, de modo tão fundamental e com tão variados propósitos, se torna confusão conceitual e ambiguidade pela falta de uma abordagem histórica e filosoficamente informada nos livros didáticos de biologia celular e molecular analisados.<sup>102</sup> Além disso, fazer uma clara distinção entre conceitos de genes se mostra importante porque certos conceitos têm valor apenas histórico (como o clássico e o bioquímico-clássico) e outros se mostram potencialmente úteis em contextos bem especificados (como o molecular clássico, gene-P, informacional), mas podem ser – e frequentemente são – prejudiciais em outros contextos. Esses problemas decorrem, em particular, da falta de uma abordagem que permita que professores e estudantes, ao usarem esses livros, aprendam *sobre* e *com* modelos.

A combinação de propriedades atribuídas ao gene em diferentes conceitos com a interpretação molecular característica do conceito molecular clássico se torna evidente com a frequência elevada de sobreposições de conceitos nos livros didáticos. Um achado particularmente relevante é o da elevada sobreposição entre gene-P e conceito molecular clássico. Em dois livros (LODISH *et al.*, 2013, e COOPER, HAUSMANN, 2013), todas as unidades de registro em que o gene-P foi identificado também apresentavam o conceito molecular clássico. Em outros dois livros, as frequências de sobreposição entre esses dois conceitos se situavam acima de 90% (98% em KARP, 2013, e 95% em ALBERTS *et al.*, 2008). O livro com menor sobreposição desses conceitos foi o de Hardin *et al.* (2012), mas ainda assim tratava-se de uma frequência considerável (70%). Num estudo realizado com livros do ensino médio, foi também encontrado um percentual relevante de sobreposições entre gene-P e conceito molecular clássico, que eram combinados em 39,1% do total de

---

<sup>102</sup> Em estudos sobre a abordagem do gene em livros didáticos do ensino médio, a mesma conclusão foi alcançada (GERICKE *et al.*, 2014; EL-HANI *et al.*, 2014).

unidades de registro analisadas (SANTOS *et al.*, 2012). Note-se, contudo, que as sobreposições encontradas nos livros de ensino superior investigados no presente estudo são muito maiores.

A sobreposição entre gene-P e conceito molecular clássico ilustra de maneira dramática os problemas decorrentes da mistura de propriedades atribuídas aos genes em diferentes conceitos, no que diz respeito à aprendizagem dos estudantes e à influência do livro sobre o modo de pensar dos professores. Trata-se de uma fonte importante do determinismo genético presente no discurso sobre genes na sociedade.

É importante ter clareza de que a promoção do determinismo genético no ensino de genética e biologia celular e molecular não é um problema menor. Primeiro, porque se traduz numa compreensão equivocada sobre genes (HURLE *et al.*, 2013), quando os entendemos de modo realista e numa visão proximal. O fato de que esta é uma visão equivocada é reconhecida em artigos científicos, como, por exemplo, no artigo que apresentou o esboço da sequência do genoma humano, no qual se conclui, no último parágrafo:

Há duas falácias a ser evitadas: o determinismo, a ideia de que todas as características da pessoa estão escritas (*hard-wired*) no genoma; e o reducionismo, a visão de que, com o conhecimento completo da sequência do genoma humano, é apenas uma questão de tempo antes que nossa compreensão das funções e interações gênicas propiciem uma descrição causal completa da variabilidade humana. (VENTER *et al.*, 2001, p. 1348).

Em segundo lugar, o determinismo genético (assim como o reducionismo das visões gene-cêntricas) não é um problema menor porque tem importantes consequências éticas, sociopolíticas e para a saúde pública (*e.g.*, LEWONTIN *et al.*, 1984; HUBBARD; WALD, 1993; NELKIN, LINDEE, 1995; PARROTT *et al.*, 2004; DAR-NIMROD; HEINE, 2011; REYDON *et al.*, 2012).

Apesar de tal visão ser problemática em termos tanto do conhecimento de biologia quanto das implicações para a formação de estudantes e professores como cidadãos, ela tem grande prevalência entre os indivíduos (HUBBARD;

WALD, 1993; NELKIN; LINDEE, 1995; DOUGHERTY, 2009; DAR-NIMROD; HEINE, 2011; REYDON et al., 2012; CASTÉRA; CLÉMENT, 2014; GERICKE; SMITH, 2014) e na mídia (HUBBARD; WALD, 1993; NELKIN; LINDEE, 1995; CONRAD, 2001). Não se pode, decerto, atribuir tal prevalência somente ao ensino de genética e biologia molecular, na medida em que essas visões deterministas não resultam somente de uma compreensão equivocada do conhecimento científico, mas também de fenômenos sociais e crenças religiosas (PARROTT et al., 2004). Lewontin (1991), por exemplo, considera o determinismo biológico uma forma de ideologia comprometida com a crença de que seres humanos diferem em suas habilidades fundamentais por causa de diferenças herdadas e inatas.<sup>103</sup> Seria de se esperar que o ensino de genética e biologia celular e molecular colocasse tal visão em questão, em vez de promovê-la.

O presente estudo fornece, em suma, evidências de que o ensino destas disciplinas biológicas ao nível universitário, ao menos no que se pode depreender da análise de livros didáticos, tem estimulado estudantes das áreas de ciências biológicas e da saúde a pensarem de modo determinista. Este é um resultado relevante pelo fato de a maioria dos estudos que mostraram que o ensino de genética, tanto em termos da prática pedagógica quanto dos conteúdos de livros didáticos, tem encorajado o pensamento determinista entre os estudantes foi realizada na educação básica (e.g., DOUGHERTY, 2009; SANTOS & EL-HANI, 2009; SANTOS *et al.*, 2012; GERICKE *et al.*, 2014; AIVELO, 2015).

Apesar de tudo que aprendemos sobre a complexidade e dinâmica dos sistemas genéticos com a revolução trazida pela bioinformática, pela genômica, pela proteômica, pela biologia de sistemas, entre outros campos, permanece a ideia, no grande público, na mídia, no mundo médico e até mesmo em grandes setores da comunidade científica de que o mais importante a ser buscado é algum gene “para” um traço, em especial, para uma doença, que haveria de

---

<sup>103</sup> Embora nosso foco recaía nesse trabalho sobre o determinismo, que não é a mesma coisa que reducionismo (ver, e.g., SARKAR, 1998b), vale a pena considerar que o reducionismo pode ser também considerado uma ideologia dominante em nossa sociedade (LOOIJEN, 2000).

revolucionar algum modo de tratamento, quando não a própria sociedade. No entanto, um tratamento de uma doença com contribuição genética só pode ter lugar na realidade dos sistemas genéticos e, assim, a pesquisa que realmente nos leva a avançar nessa direção e, em termos mais gerais, no conhecimento sobre o funcionamento de tais sistemas é uma que não trata de encontrar genes únicos para traços, ou mesmo conjuntos de genes para traços, mas de elucidar as interações de várias redes de tipos variados (redes genéticas, proteicas, de processos fisiológicos, assim como redes que têm nós com todos esses tipos de entidades e processos) (e.g., GOH *et al.*, 2007). Isso nos leva a um aspecto final, e central, de nossa discussão: para além do que os livros didáticos dizem sobre genes e seu papel nos sistemas vivos, é fundamental considerar o que eles não estão dizendo.

### **Aspectos silenciados no discurso dos livros sobre genes**

Três aspectos importantes estão silenciados no discurso dos livros didáticos de biologia celular e molecular sobre genes: primeiro, a natureza do conhecimento abordado, mediante uma apresentação de teorias e modelos como se fossem descrições da realidade; segundo, as consequências de desafios ao conceito molecular clássico para nosso entendimento atual sobre genes; terceiro, visões não deterministas sobre o papel dos genes nos sistemas biológicos. Mais acima, dedicamos uma seção inteira ao primeiro aspecto silenciado. Nessa seção, enfocaremos os dois outros aspectos.

Todos os livros didáticos analisados discutem fenômenos que desafiam o conceito molecular clássico, como genes interrompidos, genes superpostos, *splicing* alternativo, modos alternativos de transcrição e tradução, entre vários outros. Contudo, a derivação de implicações de tais fenômenos para a compreensão conceitual sobre genes recebe atenção muito menor do que os fenômenos em si mesmos, como uma realidade empírica. Em Hardin *et al.* (2012) e Cooper e Hausmann (2013), não há qualquer discussão conceitual associada a tais fenômenos. Em Karp (2013), temos uma consideração bastante tímida das implicações de fenômenos como o *splicing* alternativo que, ao fim e ao cabo, não questiona de fato o conceito molecular clássico, mantendo, por

exemplo, a ideia de uma relação unitária entre uma região do DNA e um polipeptídeo. Lodish *et al.* (2013) buscam acomodar fenômenos que desafiam o conceito molecular clássico por meio de uma distinção pouco clara entre uma definição “genética” e uma definição “genômica” de gene. Entre os livros analisados, Alberts *et al.* (2008) apresentam a discussão mais extensa sobre implicações conceituais de anomalias que atingem o conceito molecular clássico, aproximando-se em parte da definição de gene proposta por Gerstein *et al.* (2007), na qual um gene é entendido como uma união de sequências genômicas que codifica um conjunto coerente de produtos funcionais potencialmente superpostos. No entanto, a coexistência do conceito molecular clássico, largamente predominante no livro, e o reconhecimento das dificuldades que ele enfrenta e de ideias alternativas a ele não corresponde a uma situação bem arranjada, na medida em que não há uma abordagem que permita uma compreensão mais reflexiva sobre a variação conceitual em torno do significado dos genes. Desse modo, professores e estudantes têm pouca chance de entender o porquê de diferentes ideias sobre genes aparecerem no livro e de que maneiras elas se aproximam e se diferenciam. De qualquer modo, os livros de Lodish *et al.* (2013) e Alberts *et al.* (2008) são os únicos que se detêm sobre as implicações conceituais de fenômenos que desafiam o conceito molecular clássico.

Visões não deterministas sobre o papel dos genes nos sistemas biológicos são outro importante aspecto silenciado nos livros analisados. Isso é mostrado pela ausência de trechos que possam ser interpretados nos termos do conceito de gene-D, que enfatiza a ideia de que genes são recursos para o desenvolvimento em paridade causal com outros recursos igualmente importantes (GRIFFITHS; KNIGHT, 1998; OYAMA [1985]2000; MOSS, 2001, 2003) e pela pouca discussão acerca da genética quantitativa, que, através do *genomic-wide association studies*, mostra a complexidade da relação entre genes e traços com estudos feitos a níveis populacionais, não fornecendo uma base conceitual apropriada para que os professores e estudantes entendam que a ideia de associação entre gene e fenótipo deve ser feita a nível populacional,

criando um problema de raciocínio ao abrir precedentes para que se faça a associação entre genes e fenótipos a nível de indivíduos.<sup>104</sup>

Esta são ausências que parecem ser comuns no ensino de genética e biologia celular e molecular em diferentes níveis de escolaridade. Nascimento e Martins (2005) identificaram a ausência no discurso dos textos sobre genética em livros didáticos de ciências do ensino fundamental de uma referência à interação entre genes, à possibilidade de genes afetarem múltiplos traços ao mesmo tempo e ao debate em torno da herança epigenética. Xavier *et al.* (2006) mostraram a ausência de conhecimentos mais atualizados sobre genética, biologia molecular e genômica em livros didáticos do ensino médio publicados no Brasil. Santos e El-Hani (2009), Santos *et al.* (2012) e Gericke *et al.* (2014) mostraram o silenciamento de visões não deterministas no mesmo universo de livros didáticos.

A ausência de uma visão mais contemporânea sobre os sistemas genéticos e, além disso, de natureza não determinista é importante, na medida em que mina um dos propósitos do ensino da genética e biologia celular e molecular (e, em termos mais gerais, do ensino de ciências como um todo), empoderar os estudantes para que sejam pensadores críticos, informados e, na perspectiva de uma cidadania voltada para a ação sociopolítica, engajados.<sup>105</sup> Isso significa, no contexto contemporâneo, educar estudantes capazes de se posicionar e agir com conhecimento e criticidade diante de uma vida individual e social cada vez mais impactada, de um lado, por um discurso inatista pautado em genes, que naturaliza diferenças sociais (LEWONTIN *et al.*, 1984), e, de

---

<sup>104</sup> Não nos espanta o silenciamento das visões não deterministas pelos autores desses livros didáticos, visto que eles atuam, majoritariamente, em áreas de biologia celular e molecular, imunologia, genética e biologia do desenvolvimento (vide anexo I).

<sup>105</sup> Trata-se, assim, de assumir como objetivo, numa educação que visa o desenvolvimento da cidadania, uma educação para a ação sociopolítica (HODSON, 2003, 2011) ou para a tomada de decisão para ação social responsável (SANTOS; MORTIMER, 2001). Se seguirmos a autores como Giroux (2004), tal como fazemos, não há outra educação para cidadania possível, uma vez que cidadania implica participação política, ativismo e engajamento cultural. Como elaboraremos a seguir, este é um objetivo importante no ensino de genética e biologia celular e molecular, que é prejudicado por visões deterministas.

outro, por um conjunto de tecnologias genéticas que colocam as pessoas diante de decisões difíceis (por exemplo, relativas a diagnósticos genéticos pré-natais e suas implicações) e diante de desigualdades consideráveis no acesso à saúde (por exemplo, a uma medicina personalizada baseada em informação genômica). Como argumenta Jiménez-Aleixandre (2014), para alcançar tais objetivos educacionais, é necessário abordar o reducionismo e o determinismo na biologia e, em particular, na genética. Como discutimos acima, nem o determinismo nem o reducionismo são problemas menores no ensino de genética e biologia celular e molecular. Ao contrário, são problemas centrais, raramente questionados, mesmo na comunidade científica, e que são promovidos no ensino de biologia celular e molecular, a julgar pelos nossos achados ao analisar livros didáticos destinados a estas áreas que são amplamente usados em universidades ao redor do mundo.

Explicações não deterministas, nas quais genes são considerados recursos, entre outros em paridade causal, no desenvolvimento e na construção do fenótipo se tornam peças centrais de um ensino de genética e biologia celular e molecular que possa cumprir os objetivos de uma educação para a cidadania esboçados acima. Dito de outra forma, explicações probabilísticas e explicações causais envolvendo múltiplas causas em interação, que produzem, por meio de processos desenvolvimentais complexos, múltiplos efeitos alternativos, devem ser a regra quando se ensina genética e biologia celular e molecular (BURIAN; KAMPOURAKIS, 2013; JIMÉNEZ-ALEIXANDRE, 2014), e não explicações deterministas, monogênicas, gene-cêntricas, que, quando válidas, constituem situações excepcionais. Não podemos mais ensinar a genética e biologia celular e molecular do tempo de nossas avós (SMITH, 2014), nem mesmo de uma década atrás, tamanha a transformação de nossa compreensão sobre os sistemas genéticos e suas relações com outros níveis nos sistemas vivos.

Uma maneira interessante de transformar o ensino de genética e biologia celular e molecular de modo a dar vez a tais explicações é considerar de modo explícito e histórica e filosoficamente informado o modo como pesquisadores lidam com questões de pesquisa sobre o material genético e, em termos mais geral, os sistemas celulares, em vez de apenas expor de modo pouco situado uma série de conteúdos conceituais relacionados a genes. Esta



abordagem demandaria, como discutem Burian e Kampourakis (2013), dar conta de três programas de pesquisa que a genética tem perseguido desde a segunda década do século XX, visando compreender a função gênica, a localização e composição dos genes, e a estrutura dos genes.<sup>106</sup> Uma explicação apropriada do gene e de seus papéis nos sistemas vivos requer que os três programas sejam levados em conta. A própria crise do conceito de gene está relacionada a tensões entre esses diferentes programas, na medida em que está intimamente relacionada a desafios oriundos da pesquisa sobre a estrutura dos genes à ideia do gene como unidade de função, que se tornou dominante na genética clássica e foi superposta à interpretação molecular (FOGLE, 1990, 2000). Tensões entre os diferentes programas de pesquisa genética ocorreram ao longo de todo o século XX e continuam a ocorrer (BURIAN; KAMPOURAKIS, 2013). Assim, uma compreensão apropriada sobre os genes requer que se lide com diferentes conceitos de gene e modelos de função gênica, distinguindo-os apropriadamente e relacionando-os com distintos programas de pesquisa genética (GERICKE *et al.*, 2014). Nada disso é possível sem uma abordagem histórica e filosófica explícita e informada sobre os genes e, tampouco, sem acomodar de modo efetivo e acurado as práticas e os conhecimentos científicos atuais em genética, biologia celular e molecular, e campos afins, que apontam em direções muito distintas do discurso gene-cêntrico que encontramos nos livros analisados. Se considerarmos a ampla representação nesses livros de visões deterministas sobre o papel dos genes, superpostas a uma interpretação molecular, em contraponto com a ausência de uma abordagem histórica e filosoficamente informada, e de visões não deterministas, teremos ainda mais razões para nos preocuparmos com as implicações de seu uso para a formação de profissionais das áreas de ciências biológicas e da saúde.

---

<sup>106</sup> Note-se, contudo, que Burian e Kampourakis (2013) propõem substituir o conceito de gene por um conceito instrumental de material genético, ao qual eles relacionam os programas de pesquisa relativos à estrutura, função e composição e localização. Nós ainda consideramos ser possível manter um conceito molecular de gene, lado a lado com o conceito de material genético proposto por esses autores, mas especificado não mais ao nível do DNA, mas ao nível do mRNA processado, como propõem Scherrer e Jost (2007a,b). Este não é o espaço, contudo, para desenvolver essa proposta.

## MATERIAIS DIDÁTICOS ANALISADOS

ALBERTS, B. et al. **Molecular biology of the cell**. New York, NY: Garland science, Taylor & Francis Group, 2008.

COOPER, G. M., HAUSMANN, R. E. **The Cell: A Molecular Approach**. Sunderland, MA: Sinauer Associates, Inc, 2013.

HARDIN, J. et al. **Becker's World of the Cell**. San Francisco, CA: Pearson Education, 2012.

KARP, G. **Cell and Molecular Biology: Concepts and Experiments**. Hoboken, NJ: John Wiley and Sons, Inc, 2013.

LODISH et al. **Molecular Cell Biology**. New York, NY: W. H. Freeman and Company, 2013.

## ANEXO I

LIVRO	AUTORES	FORMAÇÃO
<p><i>Molecular Biology of the Cell</i> (ALBERTS <i>et al.</i>, 2008)</p>	Bruce Alberts	Professor de bioquímica e biofísica na Universidade da Califórnia (Fonte: ALBERTS <i>et al.</i> , 2008)
	Alexander Johnson	Professor de microbiologia e imunologia e diretor do programa de graduação em Bioquímica, Biologia Celular, Genética e Biologia desenvolvimental da Universidade da Califórnia, São Francisco. (Fonte: ALBERTS <i>et al.</i> , 2008)
	Julian Lewis	Principal cientista do Instituto de Pesquisas com Câncer de Londres, Reino Unido. (Fonte: ALBERTS <i>et al.</i> , 2008)
	Martin Raff	Pesquisador e conselheiro no laboratório médico de Biologia Celular e Molecular no Departamento do Biologia na Universidade College, Londres. (Fonte: ALBERTS <i>et al.</i> , 2008)
	Keith Roberts	Recebeu seu PhD pela Universidade de Cambridge e é membro emérito no Centro John Innes, em Norwich. (Fonte: ALBERTS <i>et al.</i> , 2008)
	Peter Walter	Professor e presidente do Departamento de Bioquímica e Biofísica na Universidade da Califórnia. (Fonte: ALBERTS <i>et al.</i> , 2008)
<p><i>The Cell: A Molecular Approach</i> (COOPER; HAUSMANN, 2013)</p>	Geoffrey Cooper	Geoffrey M. Cooper é professor de biologia e diretor associado na Faculdade de Ciências Naturais da Universidade de Boston, USA. Seu grupo de pesquisa é focado em entender os papéis das proteínas oncogênicas nas vias de sinalização que regulam a proliferação celular e a morte celular programada.  <Fonte: <a href="https://he.palgrave.com/page/detail/?sf1=barcode&amp;st1=9781605355634">https://he.palgrave.com/page/detail/?sf1=barcode&amp;st1=9781605355634</a> . Acesso em 10 mai 2016>
	Robert Hausman	Dr. Hausman entrou na faculdade na Universidade de Boston em 1978, estendendo suas investigações das interações da superfície celular para o desenvolvimento muscular e regulação da expressão genética no sistema nervoso em desenvolvimento por meio de contato célula-célula. Ele ensinou biologia celular para a graduação com o Dr. Cooper e vários cursos de pós-graduação em desenvolvimento na Universidade de Boston. Dr. Hausman atualmente leciona imunologia e cursos de biologia celular avançados. Sua pesquisa está focada na compreensão de como interações entre células e entre células e a matriz extracelular podem afetar a diferenciação e morfogênese.  < Fonte: <a href="https://he.palgrave.com/authors/author-detail/Robert-E.-Hausman/13533">https://he.palgrave.com/authors/author-detail/Robert-E.-Hausman/13533</a> . Acesso em 10 mai 2016>

<p><i>Becker's World of the Cell</i> (HARDIN <i>et al.</i>, 2012)</p>	<p>Jeff Hardin</p>	<p>É professor e presidente do do Departamento de Zoologia da Universidade de Wisconsin-Madison. Ele também é diretor do “<i>Curriculum Biologia Core</i>”, uma sequência de quatro semestres de biologia para alunos de graduação. Seus interesses de pesquisa estão centrados em como as células migram e aderem uma a outra para alterar a forma de embriões animais. (Fonte: HARDIN <i>et al.</i>, 2012)</p>
	<p>Gregory Bertoni</p>	<p>Ele obteve o Ph.D. em biologia celular e molecular da Universidade de Wisconsin-Madison, onde ensinou a estudantes introdutórios e de pós-graduação bioquímica, biologia celular e fisiologia de plantas. (Fonte: HARDIN <i>et al.</i>, 2012)</p>
	<p>Lewis J. Kleinsmith</p>	<p>É um professor emérito de Biologia Molecular, Celular e do Desenvolvimento na Universidade de Michigan, onde serviu à faculdade desde que recebeu seu Ph.D. da Universidade Rockefeller, em 1968. Suas experiências de ensino têm cursos envolvidos em biologia introdutória, biologia celular e biologia do câncer, e os seus interesses de investigação incluem estudos de controle de crescimento de células cancerosas, o papel da fosforilação de proteínas na regulação dos genes eucarióticos, e o controle da expressão de genes durante o desenvolvimento. (Fonte: HARDIN <i>et al.</i>, 2012)</p>
	<p>Wayne M. Becker</p>	<p>Seus interesses de eram em biologia molecular de plantas, focado especificamente na regulação da expressão de genes que codificam enzimas da via foto respiratória. (Fonte: HARDIN <i>et al.</i>, 2012)</p>
<p><i>Cell and Molecular Biology</i> (KARP, 2013)</p>	<p>Gerald C. Karp</p>	<p>Seus interesses incluem a síntese de RNA em embriões precoces, o movimento das células mesenquimais durante a gastrulação, e a determinação celular em moldes de limo. Por 13 anos, ele ensinou em cursos de biologia molecular, celular e de desenvolvimento da Universidade da Flórida. (Fonte: KARP, 2013)</p>
<p><i>Molecular Cell Biology</i> (LODISH <i>et al.</i>, 2013)</p>	<p>Harvey Lodish</p>	<p>É professor de biologia e professor de bioengenharia do Instituto de Tecnologia de Massachusetts (MIT) e membro fundador do Instituto Whitehead de Pesquisa Biomédica. Dr. Lodish também é membro da Academia Nacional de Ciências e da Academia Americana de Artes e Ciências e foi presidente (2004) da Sociedade Americana para Biologia Celular. Ele é bem conhecido por seu trabalho sobre a fisiologia da membrana celular, particularmente sobre a biossíntese de muitas proteínas de superfície celular, e sobre a clonagem e análise funcional de várias proteínas receptoras da superfície celular, tais como a eritropoietina e TGF- B-receptores. Seu laboratório também estuda células-tronco hematopoéticas e identificou novas proteínas que suportam a sua proliferação. Dr. Lodish</p>

		leciona cursos de graduação e pós-graduação em biologia celular e biotecnologia. (Fonte: LODISH <i>et al.</i> , 2013)
	Arnold Berk	É titular da cadeira presidencial em Biologia Celular Molecular do Departamento de Microbiologia, Imunologia, e Genética Molecular e é membro do Instituto de Biologia Molecular na Universidade da Califórnia, em Los Angeles. Dr. Berk também é membro da Academia Americana de Artes e Ciências. Ele é um dos descobridores originais do splicing de RNA e de mecanismos de controle de genes em vírus. Seu laboratório estuda as interações moleculares que regulam a iniciação da transcrição em células de mamíferos, focando, particularmente, em proteínas reguladoras de adenovírus. Ele leciona no curso de graduação avançada em biologia celular do núcleo de um curso de pós-graduação em bioquímica. (Fonte: LODISH <i>et al.</i> , 2013)
	Chris A. Kaiser	É professor e chefe do Departamento de Biologia do Instituto de Tecnologia de Massachusetts. Seu laboratório utiliza métodos biológicos genéticos e celulares para entender os processos básicos de como membranas recém-sintetizadas e proteínas secretoras são dobradas e armazenadas nos compartimentos da via secretora. Dr. Kaiser é reconhecido como um ótimo educador de graduação no MIT, onde ele ensinou genética para alunos de graduação por muitos anos. (Fonte: LODISH <i>et al.</i> , 2013)
	Monty Krieger	É professor no Departamento de Biologia do Instituto de Tecnologia de Massachusetts e membro sênior do <i>Broad Institute</i> do MIT e de Harvard. Dr. Krieger também é membro da Academia Nacional de Ciências. Por seu ensino inovador da biologia para a graduação e fisiologia humana para pós-graduação em biologia celular, ele recebeu inúmeros prêmios. Seu laboratório tem feito contribuições para a nossa compreensão do tráfico de membrana através do complexo de Golgi, clonando e caracterizando proteínas receptoras importantes para o reconhecimento do patógeno e o movimento do colesterol para dentro e para fora das células, incluindo o receptor de HDL. (Fonte: LODISH <i>et al.</i> , 2013)
	Anthony Bretscher	É professor de Biologia Celular da Universidade de Cornell e membro do Instituto Weill para Biologia Celular e Molecular. Seu laboratório é bem conhecido por identificar e caracterizar novos componentes do citoesqueleto de actina e elucidar as funções biológicas dos referidos componentes em relação à polaridade celular e o tráfego de membrana. Para este trabalho, seu laboratório explora abordagens biológicas, bioquímicas, genéticas e celulares em dois sistemas modelo, células epiteliais de vertebrados e em fungos. Dr. Bretscher ensina biologia celular para

		alunos de graduação da Universidade de Cornell. (Fonte: LODISH <i>et al.</i> , 2013)
	Hiode Ploegh	É professor de biologia no Instituto de Tecnologia de Massachusetts e membro do Instituto para Pesquisas Biomédicas. Um dos principais pesquisadores do mundo em comportamento do sistema imunológico, Dr. Ploegh estuda as várias táticas que os vírus utilizam para iludir as nossas respostas imunológicas e as maneiras como o nosso sistema imunológico distingue amigos de inimigos. Dr. Ploegh ensina Imunologia para alunos de graduação da Universidade de Harvard e do MIT. (Fonte: LODISH <i>et al.</i> , 2013)
	Angelika Amon	É professora biologia no Instituto de Tecnologia de Massachusetts, membro do Instituto Koch de Pesquisas Integradas ao Cancer e investigadora no Instituto Médico Howard Hughes. Ela também é membro Academia Nacional de Ciências. Seu laboratório estuda os mecanismos moleculares que governam a segregação dos cromossomos durante a mitose e meiose e as consequências da aneuploidia, quando estes mecanismos caem durante a proliferação celular normal e no desenvolvimento do câncer. Dra. Amon ensina cursos de graduação e pós-graduação em biologia celular e genética. (Fonte: LODISH <i>et al.</i> , 2013)
	Matthew P. Scott	É professor de Biologia do Desenvolvimento, Genética e Bioengenharia da Escola de Medicina da universidade de Stanford e investigador no Instituto Médico Howard Hughes. Ele é membro da Academia Nacional de Ciências e da Academia Americana de Artes e Ciências e ex-presidente da Sociedade para a Biologia do Desenvolvimento. Ele é conhecido por seu trabalho em biologia e genética do desenvolvimento, particularmente em áreas de sinalização célula-célula e genes homeobox e por descobrir os papéis dos reguladores do desenvolvimento no câncer. Dr. Scott ensina biologia celular e de desenvolvimento para estudantes de graduação, mecanismos de desenvolvimento e de doença para estudantes de medicina e biologia do desenvolvimento para estudantes de graduação na Universidade de Stanford. (Fonte: LODISH <i>et al.</i> , 2013)  <Fonte: <a href="http://www.amazon.com/Molecular-Cell-Biology-Lodish/dp/0716776014">http://www.amazon.com/Molecular-Cell-Biology-Lodish/dp/0716776014</a> Acesso 10 mai 2016 <sup>107</sup> >

<sup>107</sup> Este autor não está presente na sessão “sobre os autores” deste livro, por isso foi realizada uma busca externa ao livro didático.

## REFERÊNCIAS

- ABROUGUI, M.; CLÉMENT, P. Human genetics in French and Tunisian secondary school books: Presentation of a school books analysis method. In: H Bayrhuber & F Brinkman (Eds) *What - Why - How? Research in didactics of Biology*, p.103-114, 1997.
- AIVELO, T.; UITTO, A. Genetic determinism in the Finnish upper secondary school biology textbooks. *NorDiNa*, v.11, n. 2, p 139-52, 2015.
- BALL, D. L.; FEIMAN-NEMSER, S. Using textbooks and teachers' guides: A dilemma for beginning teachers and teacher educators. *Curriculum Inquiry*, v. 18, n. 4, p. 401-423, 1988.
- BARDIN, L. *Análise de conteúdo (Content analysis)*. Lisboa, Portugal: Edições 70, 2000.
- BATISTA, M. V. A.; CUNHA, M. M. S.; CÂNDIDO, A. L. Análise do tema virologia em livros didáticos de biologia do ensino médio. *Revista Ensaio*, v. 12, n. 1, p. 145-158, 2010.
- BEADLE, G. W.; TATUM, E. L. Genetic control of biochemical reactions in *Neurospora*. *Proc. Natl. Acad. Sci.*, v. 21, p. 499-506, 1941.
- BECHTEL, W. P.; HAMILTON, A. Reduction, integration, and the unity of science: Natural, behavioral, and social sciences and the humanities. In: T. Kuipers (Ed.), *Handbook of the philosophy of science: General philosophy of science—focal issues*. New York: Elsevier, 2007, p. 377-430.
- BENZER, S. The elementary units of heredity, In: W. McElroy and B. Glass (Eds.). *The Chemical Basis of Heredity*. Baltimore: John Hopkins Press, 1957, p. 70-93.
- BITTNER, M. L.; DOUGHERTY, E. R. Newton, Laplace, and The epistemology of systems Biology. *Cancer Informatics*, v. 11, p. 185-190, 2012.
- BOOGERD, F.; et.al. *Systems Biology: Philosophical Foundations*. Amsterdam: Elsevier, 2007.

BRENNER, S. Theoretical biology in the third millennium. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London B*, n. 354, p. 1963-1965, 1999.

BRUGGEMAN, F. J.; WESTERHOFF, H. V.; BOOGERD, F. C. BioComplexity: a pluralist research strategy is necessary for a mechanistic explanation of the “live” state. *Philosophical Psychology*, v. 15, n. 4, p. 411-440, 2002.

BURIAN, R. M.; KAMPOURAKIS, K. Against “Genes For”: Could an Inclusive Concept of Genetic Material Effectively Replace Gene Concepts? In: K. Kampourakis (ed.), *The Philosophy of Biology: A Companion for Educators* Dordrecht: Springer, 2013, p. 597-628.

CARLSON, E. A. *The gene: A critical history*. Philadelphia/London: W. B. Saunders, 1966.

CASTÉRA J.; CLÉMENT, P. Teachers’ Conceptions About the Genetic Determinism of Human Behaviour: A Survey in 23 Countries. *Science & Education*, v. 23, n. 2, p. 417-443, 2014.

\_\_\_\_\_; ABROUGUI, M. Genetic determinism in school textbooks: A comparative study among sixteen countries. *Science Education International*, v. 19, n. 2, p. 163-184, 2008,

CHATTOPADHYAY, A. Understanding of genetic information in higher secondary students in Northeast India and the implications for genetics education. *Cell Biology Education*, v. 4, n. 1, p. 97-104, 2005.

COLLINS, F.; GALAS, D. A new five-year plan for the U.S. Human Genome Project. *Science*, n. 262, p. 43-46, 1993.

CONDIT, C. M. Public understandings of genetics and health. *Clinical Genetics.*, v. 77, n. 1, p. 1-9, 2010.

\_\_\_\_\_, et al. Believing in both genetic determinism and behavioral action: a materialist framework and implications. *Public Understanding of Science*. v. 18, n. 6, p730-746, 2009.

CONRAD P. Genetic optimism: framing genes and mental illness in the news. *Culture, Medicine and Psychiatry.*, v. 25, n. 2, p.225-247, 2001.



CRICK, F. H. On protein synthesis. *Symposium of the Society of Experimental Biology*, v. 12, p.138-163, 1958.

DAR-NIMROD, I; HEINE S. J. Genetic Essentialism: On the Deceptive Determinism of DNA. *Psychological Bulletin*, v. 137, n. 5, p. 800-818, 2011.

DAWSON, V.; SOAMES, C. The effect of biotechnology education on Australian high school students' understandings and attitudes about biotechnology processes. *Research in Science & Technological Education*, v. 24, n. 2, p. 183-198, 2006.

DE VRIES, H. *Intracellular Pangenesis*. Chicago: Open Court. 1889 [1910].

DELIZOICOV, D.; ANGOTTI, J. A.; PERNAMBUCO, M. M. *Ensino de ciências: Fundamentos e métodos*. São Paulo: Cortez, 2002.

DIETRICH, M. The problem of the gene. *Comptes Rendus de l'Académie des Sciences – Series III - Sciences de la vie*, v. 323, p. 1139-1146, 2000.

DOUGHERTY, M. J. Closing the Gap: Inverting the Genetics Curriculum to Ensure an Informed Public. *The American Journal of Human Genetics*, v. 85, n. 1, p. 6-12, 2009.

EL-HANI, C. N. Mendel in genetics teaching: Some contributions from history of science and articles for teachers. *Science & Education*, v. 24, p. 173-204, 2015.

\_\_\_\_\_. Controvérsias sobre o conceito de gene e suas implicações para o ensino de genética. In: Nardi, R. (Ed.). *Atas do V Encontro Nacional de Pesquisa em Educação em Ciências* (Enpec). Bauru: Abrapec, 2005. p. 178-190.

\_\_\_\_\_. Between the cross and the sword: The crisis of the gene concept. *Genetics and Molecular Biology*, v. 30, n. 2, p.297-307, 2007.

\_\_\_\_\_, QUEIROZ, J.; EMMECHE, C. *Genes, information, and semiosis*. Tartu, Estonia: Tartu University Press, Tartu Semiotics Library, 2009.

\_\_\_\_\_, et al. The Contribution of history and philosophy to the problem of hybrid views about genes in Genetics teaching. In: Matthews, M. R. (Ed.). *International Handbook of Research in History, Philosophy and Science Teaching*. v. 3. Dordrecht: Springer, 2014, p. 469-520.

\_\_\_\_\_, & MEYER, D. The concept of gene in the twenty-first century: What are the open avenues? *Contrastes: Revista Internacional de Filosofia*, Suppl. XVIII, p. 55-68, 2013.

EPP, C. D. Definition of a gene. *Nature*, v. 389, p. 537, 1997.

FALK, R. What is a gene? *Studies in the History and Philosophy of Science*, v. 17, p. 133-173, 1986.

\_\_\_\_\_. The Allusion of the Gene: Misunderstandings of the Concepts Heredity and Gene. *Science & Education*, v. 23, p. 273-284, 2014.

FLODIN, V. The necessity of making visible concepts with multiple meanings in science education: The use of the gene concept in a biology textbook. *Science & Education*, v. 18, n. 1, p. 73–94, 2009.

FOGLE, T. Are genes units of inheritance? *Biology and Philosophy*, v. 5, p. 349-371, 1990.

\_\_\_\_\_. The dissolution of protein coding genes. In: Beurton, P. J.; Falk, R. & Rheinberger, H. J. (Ed.). *The concept of the gene in development and evolution*. Cambridge: Cambridge University Press, 2000. p. 3-25.

FRANZOLIN, F.; BIZZO, N. Conceitos de biologia em livros didáticos de educação básica e na academia: Uma metodologia de análise. *VI Encontro Nacional de Pesquisa em Educação em Ciências*, Florianópolis-SC: 2007, Atas. Belo Horizonte: ABRAPEC. Disponível em: <http://www.nutes.ufrj.br/abrapec/vienpec/CR2/p1041.pdf> Acesso em 29 set. 2015.

GAYÁN, E.; GARCÍA, P. E como escoger un libro de texto? Desarrollo de un instrumento para evaluar los libros de texto de ciencias experimentales. *Enseñanza de las ciencias*. Número Extra, p. 249-250, 1997.

GELBART, W. Databases in genomic research. *Science*, v. 282, p. 659-61, 1998.

GERICKE, N. M. *Science versus School Science: Multiple Models in Genetics - The depiction of gene function in upper secondary textbooks and its influence on students' understanding*. Karlstad: Karlstad University Studies, 2008.

\_\_\_\_\_, et.al. Upper Secondary Students' Understanding of the Use of Multiple Models in Biology Textbooks – The Importance of Conceptual Variation and Incommensurability. *Research in Science Education*, v. 43, p. 755-780, 2013.

\_\_\_\_\_, et al. Conceptual Variation or incoherence? Textbook discourse on genes in six countries. *Science & Education*. v. 23, p. 381-416, 2014.

\_\_\_\_\_; SMITH M. Twenty-First-Century Genetics and Genomics: Contributions of HPS-Informed Research and Pedagogy. In: Matthews MR, editor. *International Handbook of Research in History, Philosophy and Science Teaching*: Dordrecht, Springer Netherlands, 2014. p. 423-467.

\_\_\_\_\_; WAHLBERG S. Clusters of concepts in molecular genetics: a study of Swedish upper secondary science students understanding. *Journal of Biological Education*, v. 47, n. 2, p. 73-83, 2013.

\_\_\_\_\_.; HAGBERG, M. Definition of Historical Models of Gene Function and their Relation to Students' Understandings of Genetics. *Science & Education*, v.16, p. 849-881, 2007.

\_\_\_\_\_.; HAGBERG, M. Conceptual Incoherence as a Result of the use of Multiple Historical Models in School Textbooks. *Research in Science Education*, v. 40, p. 605-623, 2010a.

\_\_\_\_\_.; HAGBERG, M. Conceptual variation in the depiction of gene function in upper secondary school textbooks. *Research in Science Education*, v. 19, p. 963-994, 2010b.

GERSTEIN, M. B. et al. What is a gene, post-ENCODE? History and updated definition. *Genome Research*, v. 17, p. 669-681, 2007.

GILBERT, W. Why genes in pieces? *Nature*, v. 271, p. 501, 1978.

GIROUX, H. A. Cultural studies, public pedagogy, and the responsibility of intellectuals. *Communication and Critical/Cultural Studies*, v. 1, p. 59-79, 2004.

GOH, K. I., et al. The human disease network. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, v. 104, n. 21, p. 8685–8690, 2007.

GRIFFITHS, P. E. Genetic information: A metaphor in search of a theory. *Philosophy of Science*, v. 68, n. 3, p. 394-403, 2001.

\_\_\_\_\_ ; KNIGHT, R. D. What is the developmentalist challenge? *Philosophy of Science*. v. 65, n.2, p. 253-258, 1998.

\_\_\_\_\_ ; NEUMANN-HELD, E. The many faces of the gene. *BioScience*, v. 49, p. 656-662, 1999.

HEYNEMAN, S. P. "The Role of Textbooks in a Modern Education System." In Ceclia Braslavsky (Ed.), *Textbooks and Quality Learning for All: Some Lessons Learned from International Experience*. Geneva: UNESCO/International Bureau of Education, 2006, p. 31-93.

HOFFMEYER, J. The central dogma: a joke that became real. *Semiotica*, v. 138, n. 1/4, p. 1-13, 2002.

HODSON, D. Time for action. Science education for an alternative future. *International Journal of Science Education*, v. 25, p. 645–670, 2003.

\_\_\_\_\_. *Looking to the future: Building a curriculum for social activism*. Rotterdam: Sense Publishers, 2011.

HUBBARD, R.; WALD, E. *Exploding the Gene Myth: How Genetic Information Is Produced and Manipulated by Scientists, Physicians, Employers, Insurance Companies, Educators, and Law Enforcers*. Boston, MA: Beacon Press, 1993.

HURLE B., et al. What does it mean to be genomically literate? *National Human Genome Research Institute Meeting Report*. *Genet Med.*, v. 15, n. 8, p. 658-663, 2013.

IDEKER, T.; GALITSKI, T. ; HOOD, L. A new approach to decoding life: systems biology. *Annual Review of Genomics and Human Genetics* 2, p. 343-372, 2001.

JACOB, F. ; MONOD, J. Gènes de structure et genes de régulation dans la biosynthèse des protéins. *C. R. Acad. Sci. Paris*, v. 349, p.1282–1284, 1959.

JIMÉNEZ-ALEIXANDRE, M. P. Determinism and Underdetermination in Genetics: Implications for Students' Engagemen in Argumentation and Epistemic Practices. *Science & Education*, v. 23, p. 465-484, 2014.

JOAQUIM, L. M.; EL-HANI, C.N. A genética em transformação: crise e revisão do conceito de gene. *Scientia e Studia*, São Paulo, v. 8, n. 1, p. 93-128, 2010.

JOHANNSEN, W. *Elemente der Exakten Erblchkeitslehre*. Jena: Gustav Fischer. 1909.

JUDSON, H. F. *The Eighth Day of Creation (Expanded edition)*. Cold Spring Harbor, NY: Cold Spring Harbor Laboratory Press. ([1979]1996).

KAMPOURAKIS, K. Mendel and the path to genetics: portraying science as a social process. *Science & Education*, v. 22, p. 293-324, 2013.

KAY, L. E. *Who wrote the book of life? A history of the genetic code*. Stanford, CA: Stanford, 2000.

KELLER, E. F. *The century of the gene*. Cambridge, MA: Harvard University Press, 2000.

\_\_\_\_\_. The century beyond the gene. *Journal of Biosciences*, v. 30, p. 101-108, 2005.

\_\_\_\_\_. *The mirage of a space between nature and nurture*. Durham: Duke University Press, 2010.

\_\_\_\_\_, & Harel, D. Beyond the Gene. *PLoS One*, v. 2, 2007.

KNIGHT, R. Reports of the Death of the Gene are greatly exaggerated. *Biology and Philosophy*, v. 22, p. 293-306, 2007.

KUHN, T. S. *The structure of scientific revolutions*. Chicago: The University of Chicago Press. ([1970]1996).

LEAVITT, S. A. *Deciphering the genetic code: Marshall Nirenberg*. Stetten Museum, Office of NIH History, in collaboration with the National Heart, Lung, and Blood Institute, 2010. Disponível em <https://history.nih.gov/exhibits/nirenberg/index.htm>. Acesso em 9 de Abril de 2016.

LEITE, M. *As promessas do genoma*. São Paulo: Ed. UNESP. 2007.

LEWIS, J.; KATTMANN, U. Traits, genes, particles and information: revisiting students understandings of genetics. *International Journal of Science Education*, v. 26, n. 2, p. 195-206, 2004.

LEWONTIN, R. C. *Biology as ideology*. The doctrine of DNA. New York: Harper Collins, 1991.

\_\_\_\_\_, ROSE, S., KAMIN, L. J. *Not in our genes: Biology, ideology, and human nature*. New York, NY: Pantheon, 1984.

LODISH, H., et al. *Molecular Cell Biology*, 5 ed. New York: W. H Freeman, 2003.

LOOIJEN, R. C. *Holism and reductionism in biology and ecology*. Dordrecht: Kluwer, 2000.

MANI, R.; CHINNAIYAN, A. M. Triggers for genomic rearrangements: insights into genomic, cellular and environmental influences. *Nature Reviews Genetics*. v. 11, p. 819-829, 2011.

MARSMAN, J.; HORSFIELD, J. A. Long distance relationships: Enhancer–promoter communication and dynamic gene transcription. *Biochimica et Biophysica Acta*, v. 1819, p. 1217-1227, 2012.

MARTÍNEZ-GRACIA, M. V.; GIL-QUÍLEZ, M. J.; OSADA, J. Genetic engineering: a matter that requires further refinement in Spanish secondary school textbooks. *International Journal of Science Education*, v. 25, n. 9, p. 1147-1168, 2005.

MATTHEWS, M. R. *Science Teaching: The Contribution of History and Philosophy of Science – 20th Anniversary Revised and Expanded Edition*. New York: Routledge, 2014.

MEGID NETO, J.; FRANCALANZA, H. O livro didático de ciências: problemas e soluções. *Revista Ciência e Educação*, v. 9, n. 2, p. 147-157, 2003.

MEYER, L. M. N.; BOMFIM, G. C.; EL-HANI, C. N. How to understand the gene in the 21st century. *Science & Education*, v. 22, n. 2, p. 345-374, 2013.

MORGAN, T. H. *The Theory of the Gene*. New Haven: Yale University Press, 1928.

MOSS, L. Deconstructing the gene and reconstructing molecular developmental systems. In S. Oyama, P. Griffiths,; R. Gray (Eds.), *Cycles of contingency: Developmental systems and evolution*. Cambridge, MA: MIT Press, 2001, p. 85-97.

\_\_\_\_\_. *What Genes Can't Do*. Cambridge-MA: MIT Press, 2003.

NASCIMENTO, T. G.; MARTINS, I. O texto de genética no livro didático de ciências: uma análise retórica crítica. *Investigações em Ensino de Ciências*, v. 10, n. 2, p. 255-278, 2005.

NELKIN, D.; LINDEE, S. *The DNA mystique: The gene as a cultural icon*. Oxford: Freeman, 1995.

NEUMANN-HELD, E. The Gene is dead – Long live the gene: Conceptualizing genes the constructionist way. In P. Koslowski (Ed.). *Sociobiology and bioeconomics: The theory of evolution in biological and economic thinking*. Berlin: Springer, 1999, p. 105-137.

NÚÑEZ, I. B. et al. A seleção dos livros didáticos: um saber necessário ao professor. O caso do ensino de Ciências. *Revista Iberoamericana de Educación*, p. 1-12, 2003.

OYAMA, S. *The Ontogeny of Information: Developmental Systems and Evolution*, 2nd Ed. Cambridge: Cambridge University Press. ([1985]2000).

PAN, Q., et al. Deep surveying of alternative splicing complexity in the human transcriptome by high-throughput sequencing. *Nature Genetics*, v. 40, 2008.

PARDINI, M. I. M. C.; GUIMARÃES, R. C. A systemic concept of the gene. *Genet Mol Biol*, v. 15, p.713-721, 1992.

PARROTT, R. et al. Deriving lay models of uncertainty about genes' role in illness causation to guide communication about human genetics. *Journal of Communication.*, v. 54, n. 1, p. 105-122, 2004.

PEARSON, H. What is a gene? *Nature*. v. 441, p. 399-401, 2006.

PITOMBO, M.A. et al. Conceitos de gene e ideias sobre função gênica em livros didáticos de biologia celular e molecular do ensino superior. *Contexto e educação*, v. 77, p.81-110, 2008a.

\_\_\_\_\_. Gene concepts in higher education cell and molecular biology textbooks. *Science Education International*, v. 19, n. 2, p. 219-234, 2008b.

PORTIN, P. The concept of the gene: short history and present status. *Quarterly Review of Biology*, v. 56, p. 173-223, 1993.

REDFIELD, R. J. “Why Do We Have to Learn This Stuff?”—A New Genetics for 21st Century Students. *PLoS Biol*, v. 10, n. 7, 2012.

REYDON, T.; KAMPOURAKIS, K.; PATRINOS, G. P. Genetics, genomics and society: the responsibilities of scientists for science communication and education. *Personalized Medicine*, v. 9, n. 6, p. 633-643, 2012.

RHEINBERGER, H. J. Gene Concepts: Fragments from the Perspective of Molecular Biology. In: P. Beurton, R. Falk, & H.-J. Rheinberger (Eds.). *The Concept of the Gene in Development and Evolution* (pp. 219-239). Cambridge: Cambridge University Press, 2000.

ROSE, S. The rise of neurogenetic determinism. *Nature*, v. 373, 1995.

ROSE, S. The rise of neurogenetic determinism. *Soundings*, v. 2, p. 53-69, 1996.

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*, v. 9, n.1, 2009.

\_\_\_\_\_. et al. Hybrid deterministic views about genes in biology textbooks: a key problem in genetics teaching. *Science & Education*, v. 21, p. 543-578, 2012.

SANTOS, W. L. P.; MORTIMER, E. F. Tomada de decisão para ação social responsável no ensino de ciências. *Ciência & Educação*, v. 7, n. 1, p. 95-111, 2001.

SARKAR, S. Forty years under the central dogma. *Trends in Biochemical Sciences*, v. 23, p. 312-316, 1998a.



\_\_\_\_\_. *Genetics and Reductionism*. Cambridge: Cambridge University Press, 1998b.

SCHERRER, K.; JOST, J. The gene and the genon concept: A functional and information-theoretic analysis. *Molecular System Biology*, v. 3, p. 1–11, 2007a.

\_\_\_\_\_. 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*, v. 126, p. 65–113, 2007b.

SINGER, M.; BERG, P. *Genes and genomes: A changing perspective*. Mill Valley: University Science, 1991.

SMITH, M. U. It's not your grandmother's genetics anymore! *The American Biology Teacher*, v. 76, n. 4, p. 224-229, 2014.

STENT, G. S. That was the molecular biology that was. *Science*, v. 160, p. 390-395, 1968.

STOTZ, K.; GRIFFITHS, P. E.; KNIGHT, R. How biologists conceptualize genes: An empirical study. *Studies in the History and Philosophy of Biological & Biomedical Sciences*, v. 35, p. 647-673, 2004.

TEIXEIRA, P. M. M.; DO VALE, J. M. F. Ensino de Biologia e cidadania: problemas que envolvem a prática pedagógica de educadores. In: Roberto Nardi (Org). *Educação em ciências: da pesquisa à prática docente*, 3ª ed. Escrituras Editora. São Paulo, 200,. p. 23-39.

VENTER, J. C. et al. The sequence of the human genome. *Science*, v. 291, p.1304-1351, 2001.

WATSON, J. D.; CRICK, F. A structure for deoxyribose nucleic acid. *Nature*, v. 171, p. 737-738, 1953a.

\_\_\_\_\_. Genetical Implications of the Structure of Deoxyribonucleic Acid. *Nature*, v. 171, p. 964–967, 1953b.

WOLKENHAUER, O. Systems biology: The reincarnation of systems theory applied in biology? *Briefings in Bioinformatics*, v. 2, n. 3, p. 258-270, 2001.

XAVIER, M. C. F.; FREIRE, A. S.; MORAES, M. O. A nova (moderna) biologia e a genética nos livros didáticos de biologia no ensino médio. *Ciência e Educação*, v. 12, n. 3, p. 275-289, 2006.