



AVALIAÇÃO DE UMA SEQUENCIA DIDÁTICA SOBRE A CRISE DO CONCEITO DE GENE DESTINADA AO ENSINO SUPERIOR: DESAFIOS AO CONCEITO MOLECULAR CÁSSICO

Lia Midori Meyer Nascimento¹

Eixo temático: Educação e Ensino de Ciências Exatas e Biológicas

Resumo:

Este trabalho relata parte dos resultados de um estudo mais amplo, que investigou características de uma sequência didática sobre o conceito de gene que possibilitam uma compreensão crítica sobre genes destinada ao ensino superior em Ciências Biológicas e da Saúde. A sequência foi construída considerando três dimensões como critérios de justificação *a priori*: epistemológica, psicocognitiva e didática. A validação *a posteriori* foi feita por comparação entre as vias de aprendizagem esperadas e as realizadas. A sequência abordou modelos históricos de genes, a crise do conceito molecular clássico e as reações a esta crise. Em relação aos desafios ao conceito de gene, a aplicação da sequência teve resultados positivos: o reconhecimento pelos estudantes de que alguns fenômenos representam anomalias ao conceito molecular clássico, contrapondo-se à noção de unidade inerente a ele.

Palavras-chave: Sequência didática, Crise do Conceito de gene, Ensino de biologia celular e molecular.

Abstract:

This work reports results of a broader study, which investigated characteristics of a teaching sequence about the gene concept that make it possible a critical understanding of genes designed to higher education in biological and health sciences. The sequence was built by considering three dimensions as criteria for *a priori* justification: epistemological, psychocognitive, and didactic. *A posteriori* validation was performed by means of a comparison of expected and realized learning pathways. The sequence addressed historical models of genes, the crisis of the classical molecular concept, and reactions to this crisis. In relation to the gene concept challenge, the application of the sequence showed positive results: students' recognizing that some phenomenon represent anomalies to the classic gene concept, by counterpointing the unit notion inherent to it.

Keywords: Teaching sequence, Gene concept crisis, Cell and molecular biology teaching.

INTRODUÇÃO

O conceito de gene tem sido objeto de controvérsias na filosofia da biologia desde a década de 1980, tendo sido considerado por vários autores um conceito em crise. Falk (2000), por exemplo, vê o conceito de gene “sob tensão”, enquanto Keller (2002) o entende como um

conceito “com problemas”. Mais recentemente, as dificuldades enfrentadas por este conceito e a necessidade de reformulá-lo foram reconhecidas no âmbito da própria biologia (e.g., PEARSON, 2006; GERSTEIN *et al.*, 2007), inclusive em trabalhos experimentais (WANG *et al.*, 2000; KAMPA *et al.*, 2004).

Esta crise envolve um modelo em particular sobre a natureza do gene. Trata-se do chamado conceito molecular clássico (GRIFFITHS & NEUMANN-HELD, 1999; STOTZ *et al.*, 2004), de acordo com o qual um gene é uma sequência de DNA que codifica um produto funcional, que pode ser uma molécula de RNA ou um polipeptídeo. A crise atual do conceito de gene diz respeito, particularmente, aos problemas enfrentados por uma compreensão que traz em si a ideia de uma unidade genética: unidade estrutural – um segmento ininterrupto do DNA, com começo e fim bem definidos; unidade funcional – que codifica um produto com uma única função; e unidade informacional – que contém uma mensagem genética única (EL-HANI, 2007).

Entre os fenômenos descritos pela pesquisa em genética e biologia molecular dos últimos trinta anos que se tornaram anomalias para estas ideias de unidade, temos, entre outros, os genes interrompidos, o *splicing* alternativo, os genes sobrepostos, os genes nidados, os rearranjos genômicos, o *trans-splicing*, a edição de mRNA (ver, por exemplo, FALK, 1986, 2000; FOGLE, 1990, 2000; PARDINI & GUIMARÃES, 1992; GRIFFITHS & NEUMANN-HELD, 1999; KELLER, 2000; MOSS, 2001, 2003; EL-HANI, 2007).

Esses desafios se contrapuseram a uma relação 1:1:1 entre gene, produto gênico e função, fazendo com que o modelo do gene como um segmento de DNA, que codifica um RNA ou um polipeptídeo e que determina uma função, perdesse sua credibilidade (EL-HANI, 2007). El-Hani propõe que a crise do modelo molecular clássico pode ser entendida como uma consequência de três tipos de anomalias, estabelecidas pela pesquisa em genética e biologia molecular: 1) correspondências de *um* segmento de DNA para *muitos* RNAs/polipeptídios (como, por exemplo, no *splicing* alternativoⁱⁱ); 2) correspondência de *muitos* segmentos de DNA para *um* RNA/polipeptídeo (como, por exemplo, nos rearranjos genômicosⁱⁱⁱ); 3) *ausências* de correspondência entre segmentos de DNA e RNAs/polipeptídios (como, por exemplo, na edição de mRNA^{iv}).

De um modo geral, estes debates sobre o conceito de gene, travados na esfera da pesquisa acadêmica, não alcançaram as salas de aula, nem mesmo no ensino superior. Apesar da importância do conceito de gene para a biologia em geral e, especialmente, para o ensino de genética (GERICKE & HAGBERG, 2007a,b, 2009) e biologia celular e molecular, os debates sobre o conceito de gene estão ausentes em livros didáticos de biologia celular e

molecular usados no ensino superior em todo o mundo (PITOMBO *et al.* 2008a,b) e em livros didáticos de biologia para o ensino médio publicados no Brasil (SANTOS & EL-HANI, 2009). Outro indício de que as controvérsias sobre o conceito não chegaram às salas de aula reside na alta frequência com que o conceito molecular clássico aparece em livros didáticos (GERICKE E HAGBERG, 2007b, 2009; PITOMBO *et al.*, 2008a,b; SANTOS & EL-HANI, 2009), assim como nas concepções de estudantes do ensino superior (JOAQUIM, 2009), apesar dos problemas enfrentados por ele. Estes achados indicam que há uma lacuna entre o conhecimento atual sobre os genes, na esfera da pesquisa acadêmica, e o conhecimento escolar a este respeito, veiculado no ensino de genética e biologia celular e molecular.

Tendo em vista a necessidade de se aproximar o conhecimento científico escolar dos debates atuais sobre o conceito de gene, travados na esfera da pesquisa acadêmica, buscamos investigar as características que uma sequência didática sobre este conceito deve possuir para gerar uma compreensão crítica sobre os genes e o seu papel nos sistemas vivos, no contexto do ensino superior de Ciências Biológicas e da Saúde. Em particular, nosso interesse era analisar características que podem tornar tal sequência capaz de desafiar concepções problemáticas que, em estudos anteriores (GERICKE E HAGBERG, 2007b; PITOMBO *et al.*, 2008b, 2009; FLODIN, 2009; JOAQUIM, 2009; SANTOS & EL-HANI, 2009), se mostraram frequentes em livros didáticos e na concepção de estudantes do ensino superior. O estudo foi realizado por uma equipe colaborativa formada por pesquisadores e por um professor-investigador. Tendo em vista as turmas destinadas ao professor com o qual colaboramos na pesquisa aqui relatada, trabalhamos com uma disciplina de Biologia Celular e Molecular destinada a estudantes ingressantes de um curso de Medicina, de uma universidade pública federal brasileira.^v

Neste artigo apresentamos uma parte dos resultados desta investigação que diz respeito à validação da sequência didática quanto à sua abordagem dos desafios ao conceito de gene, tratados na sequência em termos das anomalias discutidas por El-Hani (2007).

Debates sobre o conceito de gene

A sequência didática investigada no presente trabalho aborda o conceito de gene de uma perspectiva contextual (MATTHEWS, 1994), tomando como base um tratamento histórico dos diversos modelos desenvolvidos ao longo do século XX para abordar os conceitos de gene e função gênica. Trabalhamos na sequência didática com quatro modelos históricos identificados por Gericke e Hagberg (2007a, 2009): mendeliano, clássico, bioquímico-clássico e neoclássico (que preferimos chamar, seguindo a GRIFFITHS & NEUMANN-HELD, 1999 e STOTZ *et al.*, 2004, de molecular clássico).^{vi} Também tiveram

papel central na construção da sequência, estudos epistemológicos sobre o conceito (e.g., FALK, 1986; FOGLE, 1990; GRIFFITHS & NEUMANN-HELD, 1999; KELLER, 2000; MOSS, 2003; EL-HANI, 2007), incluindo investigações que se debruçaram sobre suas implicações para o ensino (e.g., GERICKE & HAGBERG, 2007a,b,, 2009; SMITH & ADKISON, 2010).

Reações à crise

Como discutimos acima, o tratamento dos genes como “unidades” sofreu uma série de dificuldades com os avanços da pesquisa genética nas últimas três décadas, resultando na chamada “crise do conceito de gene” (KELLER, 2000; EL-HANI, 2007). Na sequência didática, esta crise foi tratada em termos das três anomalias discutidas por El-Hani (2007). As reações a esta crise também foram abordadas. Pesquisadores, como Portin (1993), Gelbart (1998) e Keller (2000), chegaram a propor que o conceito de gene deveria ser abandonado. Contudo, outra reação comum diante desta crise tem sido o desenvolvimento de propostas de revisão conceitual. Algumas dessas propostas, além da sugestão do abandono do conceito de gene, foram incluídas na sequência: o tratamento de genes não como unidades físicas no genoma, mas como processos que emergem no contexto celular e extracelular (GRIFFITHS & NEUMANN-HELD, 1999; EL-HANI, C. N. *et al.*, 2009); a diferenciação de significados atribuídos ao conceito, como na proposta de Moss (2001, 2003) de distinção entre gene-P e gene-D, ou na distinção de Scherrer e Jost (2007a,b) entre gene (localizado no RNA), *genon* e *transgenon*; o tratamento de genes como conjuntos de domínios para a transcrição ativa (FOGLE, 1990, 2000); genes como combinação de sequências de ácidos nucleicos (DNA ou RNA), definidas pelo sistema celular e correspondentes a um produto (RNA ou polipeptídeo) (PARDINI & GUIMARÃES, 1992); propostas que levam em conta desenvolvimentos recentes da pesquisa em genética, biologia molecular, genômica e proteômica, que tiveram impactos importantes sobre nossa compreensão dos genes - Projeto Genoma Humano (PGH) (VENTER *et al.*, 2001; SMITH & ADIKSON, 2008) e Enciclopédia dos Elementos do DNA (ENCODE) (GERSTEIN *et al.*, 2007; SMITH & ADKISON, 2008).^{vii}

METODOLOGIA

Abordagem metodológica

Adotamos neste estudo uma metodologia qualitativa, tendo em vista que o ambiente natural da sala de aula foi uma das fontes de dados, com contato direto e prolongado dos pesquisadores, e os dados foram de natureza principalmente descritiva.

Construção da sequência didática

A sequência didática foi construída através de trabalho colaborativo com um professor da disciplina Biologia Celular e Molecular, da Universidade Federal da Bahia. Para construí-la, utilizamos os critérios de justificação *a priori* discutidos por Méheut (2005), com o objetivo de elaborar uma sequência clara e adequada para o seu contexto. Estes critérios incluem três dimensões: 1) dimensão epistemológica, relacionada aos conteúdos a serem aprendidos, aos problemas que eles podem resolver e à sua gênese histórica; 2) dimensão psicocognitiva, relacionada às características cognitivas dos estudantes; 3) dimensão didática, que analisa restrições do funcionamento da instituição de ensino (programas, cronogramas etc.) (ver tb. NASCIMENTO *et al.*, 2009). Em vista destas restrições, a sequência foi construída com duração de cinco horas, distribuídas em dois dias de aula.^{viii}

Para planejar as atividades, utilizamos a ferramenta de análise de interações discursivas e produção de significados na sala de aula de ciências desenvolvida por Mortimer e Scott (2002, 2003), que tem como base uma abordagem sociocultural do processo de ensino e de aprendizagem, baseada nos trabalhos de Vygotsky e Bakhtin.

Contexto do estudo

O estudo foi realizado em duas turmas de estudantes ingressantes do curso de Medicina da Universidade Federal da Bahia, que cursavam a disciplina Biologia Celular e Molecular no semestre 2009.2, sob responsabilidade do professor-investigador que participou de nosso estudo. De um total de 24 estudantes, 11 compunham a turma que assistiu às aulas da disciplina no formato usualmente empregado pelo professor, no qual não se faz qualquer discussão explícita sobre o conceito de gene (chamaremos esta turma de A); e 13 compunham a turma que, além dessas aulas, também participou das aulas da sequência didática, que discutia explicitamente a crise do conceito de gene (Turma B).

Validação da sequência didática

Para investigar a relação entre as características da sequência didática que construímos e a aprendizagem dos estudantes, utilizamos um dos critérios de validação *a posteriori* discutidos por Méheut (2005), a validação interna, que busca verificar os efeitos da sequência didática em termos da aprendizagem efetivamente realizada em relação aos objetivos de ensino que orientaram a sua construção. Esta validação foi realizada mediante comparação entre o modo como os estudantes da Turma B mobilizavam ideias sobre genes, especificamente, neste artigo, em relação aos desafios ao conceito de gene, num contexto discursivo estruturado pelo instrumento de coleta de dados (um questionário) em três momentos - antes, logo após e dois meses após a sequência.

Estudo comparativo

Realizamos estudo comparativo entre as Turmas A e B para investigar a evolução de suas ideias a respeito dos desafios ao conceito de gene ao longo do semestre, sem a influência e sob a influência de uma abordagem explícita sobre a crise do conceito de gene, respectivamente. Foi usado o mesmo desenho metodológico acima.

Instrumento de coleta de dados

Utilizamos um questionário como ferramenta de coleta de dados, construído a partir de um subconjunto de questões de um instrumento maior, empregado por Joaquim (2009), mas com algumas modificações, validadas em um teste piloto realizado com dez respondentes.

O questionário é composto de três partes: “A”, relativa aos dados gerais dos estudantes; “B”, com quatro questões abertas; e “C”, com quatro questões fechadas. No presente estudo, relatamos os resultados apenas da segunda, terceira e quarta questões da parte B (aberta), que traziam figuras concernentes a três achados da pesquisa genética e molecular que colocam desafios ao modelo molecular clássico e, portanto, têm papel importante na chamada crise do conceito de gene: *splicing* alternativo, edição de mRNA, e genes superpostos, respectivamente. Era pedido aos estudantes que respondessem se viam nesses achados desafios com consequências importantes para o conceito de gene, bem como que identificassem as consequências que percebiam, caso respondessem afirmativamente, e justificassem seu modo de pensar sobre o assunto, se respondessem negativamente.

Análise dos dados

A análise das questões seguiu um processo indutivo, característico de estudos qualitativos (BOGDAN & BIKLEN, 1982) na qual as categorias emergiam das respostas. Contudo, a compreensão das categorias era fundada em nosso conhecimento da literatura científica, histórica e filosófica sobre o conceito de gene.

A categorização das respostas às questões abertas foi submetida a uma segunda análise por outro membro do grupo de pesquisa como forma de validação. As taxas de concordância das análises independentes foram: 95,8% para a questão 2; 89,6% para a questão 3; e 95,8% para a questão 4., conferindo substancial confiabilidade às interpretações das questões.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Desafios ao conceito de gene

A partir da análise dos questionários, identificamos quatro categorias de respostas para as questões 2, 3 e 4.

Na primeira categoria, temos respostas que afirmam que o desafio em questão tem consequências para o conceito de gene, com uma justificativa baseada no reconhecimento de

algum aspecto relativo à ausência de uma correspondência de 1:1:1:1 entre gene, sequência de DNA, produto gênico e função gênica. Exemplo: “Sim. O *splicing* alternativo mostra que uma mesma sequência de DNA pode corresponder à produção de mais de um produto, derrubando a ideia de que uma sequência codifica apenas um produto específico”. (A1; T.B.; M2) ^{ix}

Na segunda categoria, foram reunidas respostas que também reconhecem consequências para o conceito de gene, mas nas quais o estudante usa como justificativa alguma explicação sobre o fenômeno em questão ou aspectos dele, embora não reconheça o problema da unidade. Exemplo: “Sim. A edição do mRNA implicará na seleção do RNA a ser traduzido, ou seja, no gene a ser expresso”. (A4; T.A.; M1)

Na terceira categoria, encontram-se respostas nas quais não foi reconhecido qualquer desafio para o conceito de gene no fenômeno mencionado na questão. Exemplo: “O *splicing* alternativo não altera o conceito de gene. Esse processo apenas reorganiza sequências nucleotídicas de modo que novas proteínas são produzidas”. (A5; T.A.; M2). Neste caso, a justificativa não foi incluída na análise, na medida em que o nosso interesse era verificar como o estudante explicava que o fenômeno mencionado na questão poderia representar um desafio ao conceito de gene, o que pode ser verificado somente nas respostas afirmativas.

Por fim, a quarta categoria reúne respostas incompreensíveis, questões não respondidas, ou nas quais o estudante apenas respondeu que não sabia.

Os resultados das questões 2, 3 e 4 são mostrados nas Figuras 1, 2 e 3 respectivamente. Foi possível encontrar um padrão comum nas respostas das três questões nas duas turmas.

No início do semestre (M1), na Turma A (que não assistiu às aulas da sequência didática), os estudantes se distribuíram entre as categorias (a), (b) e (c) em todas as questões, sendo que, na questão 4, que tratava da superposição de genes, a categoria (c) se destacou. Após cursarem o módulo molecular (M2), nas questões 2 e 3, que tratava do *splicing* alternativo e da edição de mRNA, respectivamente, eles se dividiram em dois subgrupos opostos: enquanto parte deles considerava que os fenômenos tinham consequências para o conceito de gene associadas ao problema da unidade (categoria ‘a’), outros consideravam que os fenômenos não tinham consequência para o conceito de gene (categoria ‘c’). Já na questão 4, a maioria considerou que o fenômeno não desafiava o conceito (categoria ‘c’), seguindo a tendência do início do semestre. Ao final do semestre (M3), ainda que alguns estudantes afirmassem que os fenômenos tinham consequências para o conceito, prevaleceu, nas três questões, a categoria (c), ou seja, os alunos não reconheciam que os fenômenos em questão desafiavam o conceito de gene.

Na interpretação desses achados, é importante considerar que, nas aulas da disciplina, como usualmente ministradas, os fenômenos de *splicing* alternativo e edição do mRNA são abordados, mas sem que haja uma discussão explícita sobre o fato de estes fenômenos constituírem desafios ao conceito de gene. Podemos, então, atribuir a esta forma de abordagem dos fenômenos na disciplina o fato de os estudantes não perceberem como eles desafiam o conceito de gene.

Resultados similares foram encontrados por Joaquim (2009) com estudantes de Ciências Biológicas do ensino superior, de duas diferentes universidades: os estudantes, com frequência, não entendiam como esses fenômenos podem constituir desafios ao conceito de gene. Esses resultados podem refletir, entre outros fatores, a forma como os fenômenos em questão são abordados em livros didáticos do ensino médio (SANTOS & EL-HANI, 2009) e superior (PITOMBO *et al.*, 2008a, b), nos quais não há qualquer discussão explícita sobre como eles poderiam desafiar nossa compreensão a respeito dos genes.

Na Turma B (que assistiu as aulas da sequência), no início do semestre (M1), a maioria dos estudantes optou pela categoria (a) nas questões 2 e 3, que tratavam dos fenômenos do *splicing* alternativo e da edição de mRNA respectivamente, e se dividiram entre as categorias (a), (b) e (c) na questão 4, sobre o fenômeno dos genes superpostos. Logo após a sequência (M2) e dois meses depois (M3), nas três questões, a maioria optou pela categoria (a), ou seja, considerou que os fenômenos tinham consequências para o conceito de gene, e seus argumentos se relacionavam a algum aspecto do problema da unidade. Inclusive, é importante ressaltar que, na questão 2, (Fig. 1), logo após a intervenção, 100% dos estudantes escolheram a alternativa (a). Tendo em vista os objetivos da sequência didática, este pode ser considerado um resultado bastante positivo.

Isso se torna particularmente claro quando observamos que a maior parte dos estudantes da Turma B reteve, no caso de todos os fenômenos discutidos, o reconhecimento dos problemas que cercam a visão dos genes como unidades à médio prazo, ao final do semestre. Contudo, embora a categoria 'a' tenha se mantido como a mais frequente ao final do semestre na Turma B, houve uma diminuição na sua frequência em relação aos resultados obtidos logo após a sequência, em todas as questões. Este é um achado compreensível, em vista da necessidade de uma maior quantidade de atividades desafiando o modelo molecular clássico, bastante arraigado entre os estudantes, ao longo de toda a sua formação. Logo após a sequência didática, os alunos ainda estavam sob forte influência das aulas, mas, ao cabo de dois meses, essa influência foi reduzida, na medida em que os estudantes não entraram novamente em contato com o assunto trabalhado na sequência. Sendo que esta foi realizada

em apenas cinco horas, durante duas aulas. Não se trata, contudo, de aumentar a extensão de tempo da sequência didática, uma vez que seu tamanho atual nos parece adequado para sua inserção em disciplinas de conteúdos específicos, como as de Genética e Biologia Celular e Molecular. Trata-se, antes, de incluir uma dimensão histórica e filosófica nas discussões sobre o sistema genético, que têm lugar ao longo destas e de outras disciplinas que abordam o assunto. Desse modo, os problemas que cercam o conceito de gene e a diversidade de modelos históricos propostos para sua compreensão poderiam ser trabalhados não apenas em momentos pedagógicos à parte, mas de maneira integrada com o tratamento de conteúdos específicos, ao longo do currículo. Ainda que abordagens explícitas e focadas na história e filosofia da ciência, como aquela proposta na sequência didática aqui discutida, sejam necessárias para uma aprendizagem bem sucedida de aspectos históricos e epistemológicos das ciências, parece-nos importante também incorporar estes aspectos na discussão de conteúdos específicos.

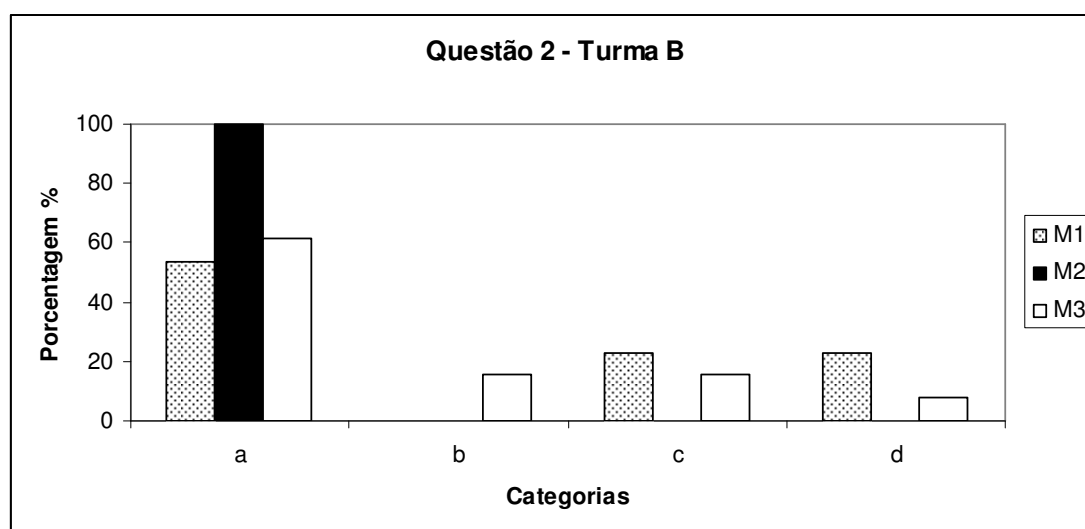
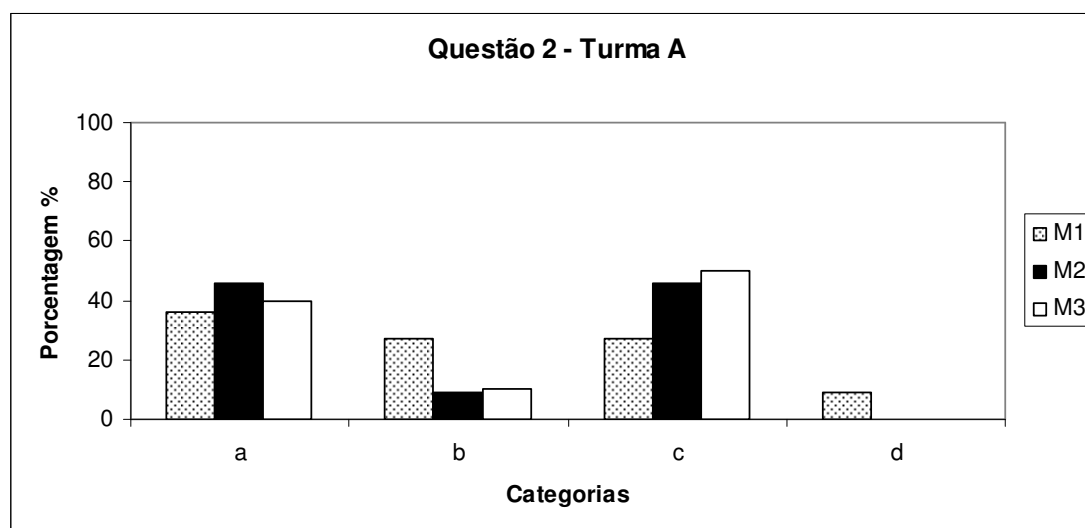


Fig. 1 Distribuição das respostas dos estudantes das Turmas A e B para as categorias obtidas na questão sobre *splicing* alternativo: a) Sim, o fenômeno tem consequências para o conceito de gene, e a justificativa se baseia no reconhecimento de algum aspecto relativo à ausência de uma correspondência de 1:1:1:1 entre gene, sequência de DNA, produto gênico e função gênica; b) Sim, o fenômeno tem consequências para o conceito de gene, e a justificativa se baseia apenas na explicação do fenômeno ou aspectos dele; c) Não, o fenômeno não tem consequências para o conceito de gene; d) Incompreensível, não responde ou não sabe. Legenda: M1 – início do semestre; M2 – logo após o módulo molecular (Turma A) e logo após a sequência (Turma B); M3 – final do semestre, dois meses após M2

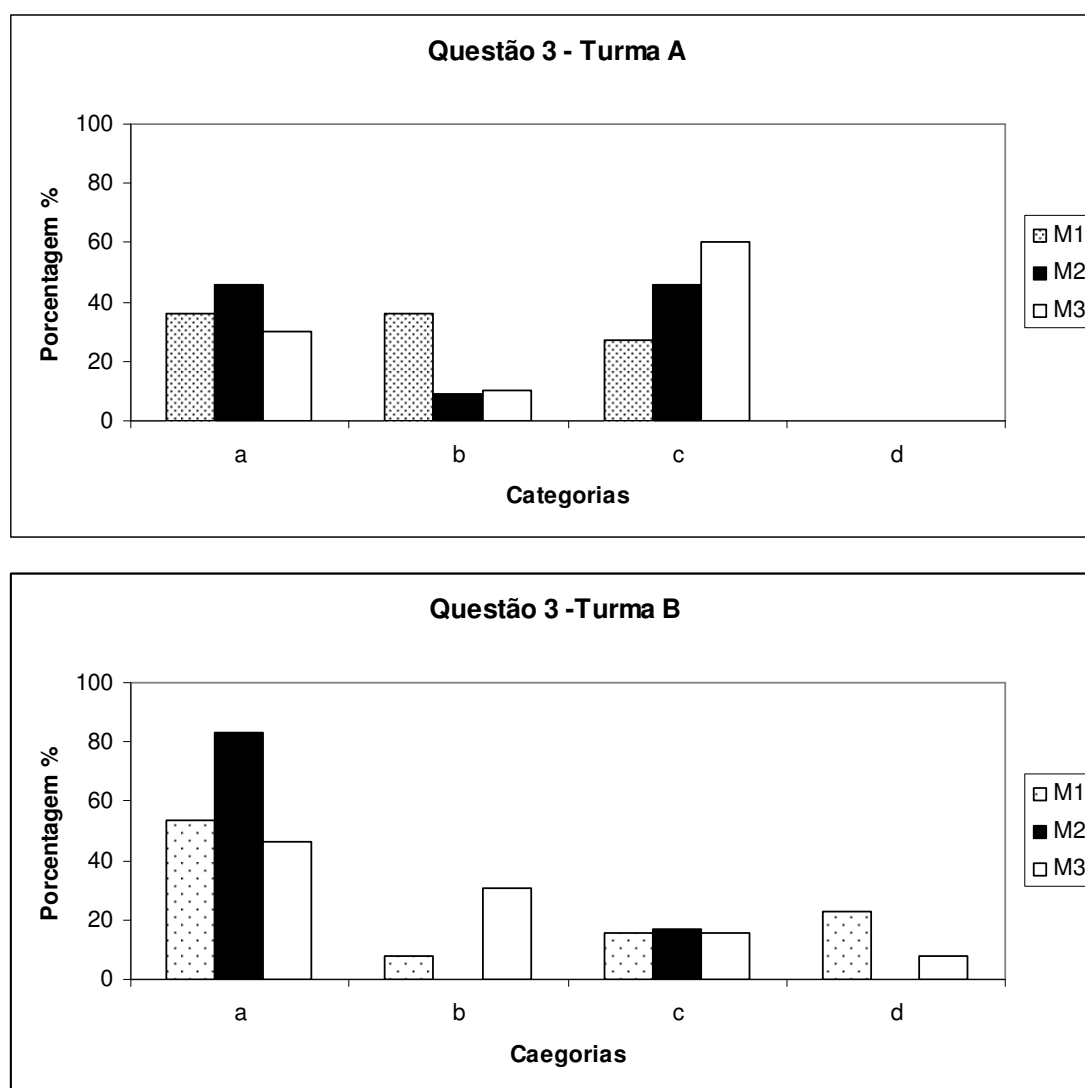


Fig. 2 Distribuição das respostas dos estudantes das Turmas A e B para as categorias obtidas na questão sobre edição de mRNA: a) Sim, o fenômeno tem consequências para o conceito de gene, e a justificativa se baseia no reconhecimento de algum aspecto relativo à ausência de

uma correspondência de 1:1:1:1 entre gene, sequência de DNA, produto gênico e função gênica; b) Sim, o fenômeno tem consequências para o conceito de gene, e a justificativa se baseia apenas na explicação do fenômeno ou aspectos dele; c) Não, o fenômeno não tem consequências para o conceito de gene; d) Incompreensível, não responde ou não sabe. Legenda: M1 – início do semestre; M2 – logo após o módulo molecular (Turma A) e logo após a sequência (Turma B); M3 – final do semestre, dois meses após M2

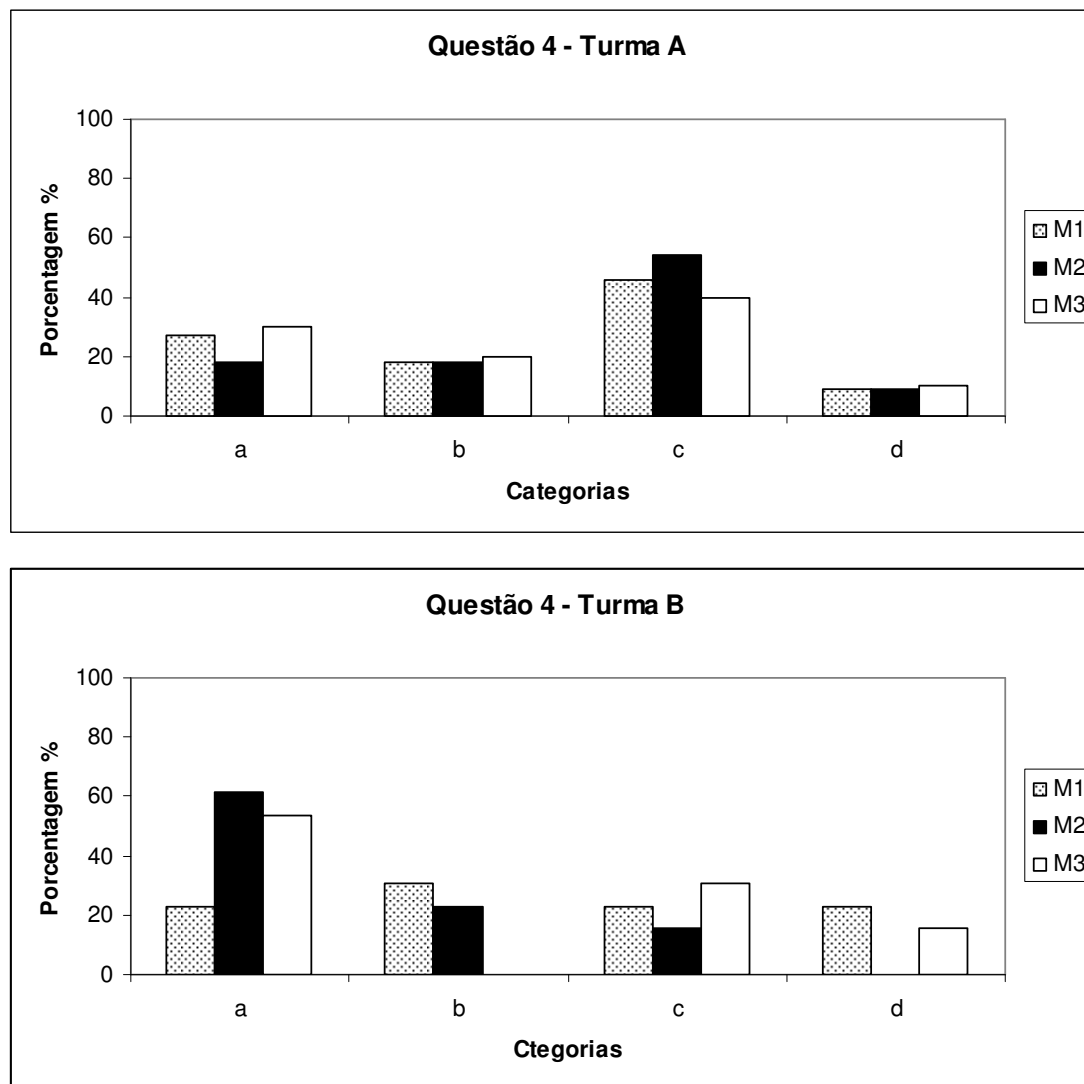


Fig. 3 Distribuição das respostas dos estudantes das Turmas A e B para as categorias obtidas na questão sobre genes superpostos: a) Sim, o fenômeno tem consequências para o conceito de gene, e a justificativa se baseia no reconhecimento de algum aspecto relativo à ausência de uma correspondência de 1:1:1:1 entre gene, sequência de DNA, produto gênico e função gênica; b) Sim, o fenômeno tem consequências para o conceito de gene, e a justificativa se baseia apenas na explicação do fenômeno ou aspectos dele; c) Não, o fenômeno não tem

consequências para o conceito de gene; d) Incompreensível, não responde ou não sabe. Legenda: M1 – início do semestre; M2 – logo após o módulo molecular (Turma A) e logo após a sequência (Turma B); M3 – final do semestre, dois meses após M2

CONCLUSÃO

Podemos concluir que o estudo levou a uma validação interna da sequência didática, que favoreceu o reconhecimento de que existem fenômenos que desafiam o conceito molecular clássico pelos estudantes universitários investigados. As seguintes características da sequência didática nos parecem importantes para este resultado: levar em conta a dimensão epistemológica e histórica dos debates sobre o conceito de gene; considerar, na recontextualização desses debates, os aspectos psicocognitivos dos estudantes, assim como as restrições didáticas impostas pela disciplina; incluir um planejamento claro, orientado por alguma teoria educacional, de como seriam conduzidas as interações discursivas com os estudantes ao longo da sequência, de modo a propiciar condições para uma apropriação, pelos estudantes, dos debates sobre o conceito de gene.

É preciso considerar que a frequência do reconhecimento dos desafios ao conceito de gene teve uma diminuição em médio prazo. Para um resultado mais duradouro, os estudantes precisariam entrar em contato mais vezes com esses debates sobre o conceito de gene ao longo da sua formação.

Os resultados indicam que uma abordagem epistemológica e historicamente informada de conceitos e modelos de genes, tal como proposta na sequência didática que construímos, tem impacto positivo sobre as ideias dos estudantes sobre genes e a sua habilidade em reconhecer os desafios a este conceito. Nossa expectativa, então, é que sequências didáticas com as características discutidas no presente trabalho venham a ser utilizadas em disciplinas de Genética ou Biologia Celular e Molecular de diversos cursos de Ciências Biológicas e da Saúde, de forma a contribuir para a formação de pesquisadores e professores com uma compreensão mais crítica sobre os genes e seu papel nos sistemas vivos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BOGDAN, R. G., BIKLEN, S. K. *Investigação qualitativa em educação*. Uma introdução à Teoria e ao Método. Portugal: Porto Editora, 1994.
- EL-HANI, C. N. Between the cross and the sword: the crisis of the gene concept. *Genetics and Molecular Biology*, 30(2), 297-307, 2007.

EL-HANI, C. N., QUEIROZ, J., EMMECHE, C. *Genes, information, and semiosis*. Tartu: Tartu University Press (Tartu Semiotics Library), 2009.

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

FALK, R. The gene – A concept in tension. In: BEURTON, FALK e RHEINBERGER (Ed.). *The concept of the gene in development and evolution*. Cambridge-UK: Cambridge University Press, 2000. p. 317-348.

FLODIN, V. S. The Necessity of Making Visible Concepts with Multiple Meanings in Science Education: The Use of the Gene Concept in a Biology Textbook. *Science and Education*, v. 18, p. 73-94, 2009.

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

FOGLE, T. The dissolution of protein coding genes. In: BEURTON, FALK e RHEINBERGER (Ed). *The concept of the gene in development and evolution*. Cambridge-UK: Cambridge University Press, 2000. p. 3-25.

GELBART, W. Databases in genomic research. *Science*, v. 282, p. 659-661, 1998.

GERICKE, N., HAGBERG, M. Definiton of Historical Models of Gene Function and their Relation to Students' Understandings of Genetics. *Science & Education*, v. 16, p. 849-881, 2007a.

GERICKE, N., HAGBERG, M. The phenomenon of gene function as described in textbooks for upper secondary school in Sweden – A comparative analysis with historical models of gene function. *Anais do IOSTE - International Meeting on Critical Analysis of School Science Textbooks*, University of Tunis, Hammamet, p. 554-563, 7-10 Feb, 2007b.

GERICKE, N. *Science versus School-science*. Multiple models in genetics – The depiction of gene function in upper secondary textbooks and its influence on students' understanding. Tese. Karlstad University Studies, Karlstad, Suécia, 2009.

GERSTEIN M. B., BRUCE C., ROZOWSKY J. S., ZHENG D., DU J., KORBEL J. O., *et al.* What is a gene, post-ENCODE? History and updated definition. *Genome Research*, v. 17, p. 669–681, 2007.

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

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

JOAQUIM, L. M. *Genes: questões epistemológicas, conceitos relacionados e visões de estudantes de graduação*. Dissertação. Universidade Federal da Bahia. Salvador, Bahia, 2009.

KAMPA, D., CHENG, J., KAPRANOV, P., YAMANAKA, M., BRUBAKER, S., CAWLEY, S., *et al.* Novel RNAs identified from an in-depth analysis of the transcriptome of human chromosomes 21 and 22. *Genome Res*, v. 14, p. 331-342, 2004.

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

MATTHEWS, M. History, philosophy and science teaching: The present rapprochement. *Science & Education*, v. 1, n. 1, p. 11-47, 1992. Tradução publicada em Caderno Catarinense de Ensino de Física, v. 12, n. 3, p. 164-214, 1994.

- MÉHEUT, M. Teaching-learning sequences tools for learning and/or research. In: BOERSMA *et al.* (Ed.), *Research and the quality of science education*. Dordrecht: Springer, 2005. p. 195-207.
- MEYER, L. M. M. *Como Ensinar a Estudantes Universitários de Ciências Biológicas e Ciências da Saúde sobre a Crise do Conceito de Gene?* Dissertação. Universidade Federal da Bahia. Salvador, Bahia, 2010.
- MEYER, L. M. M., BOMFIM, G. C., EL-HANI. How to understand the gene in the 21st century? *Science & Education*, no prelo.
- MORTIMER, E. F., SCOTT, P. H. Atividade discursiva nas salas de aula de ciências: uma ferramenta sociocultural para analisar e planejar o ensino. *Investigações em Ensino de Ciências*, v. 7, n. 3, 2002.
- MORTIMER, E. F., SCOTT, P. H. *Meaning making in secondary science classrooms*. Philadelphia: Open University Press, 2003.
- MOSS, L. Deconstructing the gene and reconstructing molecular developmental systems. In: Oyama., Griffiths e Gray (Ed.). *Cycles of contingency: Developmental systems and evolution*. Cambridge-MA: MIT Press, 2001. p. 85-97.
- MOSS, L. *What genes can't do*. Cambridge-MA: MIT Press, 2003.
- NASCIMENTO, L. M. M, GUIMARÃES, M. D. M, EL-HANI, C. Construção e avaliação de sequencias didáticas para o ensino de Biologia: uma revisão crítica da literatura. *Atas do VII ENPEC – Encontro Nacional de Pesquisa em Educação em Ciências*, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Nov. 2009.
- PARDINI, M. I. M. C., E GUIMARÃES, R. C. A systemic concept of the gene. *Revista Brasileira de Genética*, v. 15, n. 713-721, 1992.
- PEARSON, H. What is a gene? *Nature*, v. 441, p. 399-401, 2006.
- PITOMBO, M. A., ALMEIDA, A. M. R., EL-HANI, C. N. Gene concepts in higher education cell & molecular biology textbooks. *Science Education International*, 19(2), 219-234, 2008a.
- PITOMBO, M. A., ALMEIDA, A. M. R., EL-HANI, C. N. Conceitos de gene e idéias sobre função gênica em livros didáticos de biologia celular e molecular do ensino superior. *Contexto e Educação*, 77, 81- 110, 2008b.
- PORTIN, P. The concept of the gene: Short history and present status. *Quarterly Review of Biology*, v. 56, p. 173-223, 1993.
- SANTOS, V. C., EL-HANI, C. N. Idéias sobre genes em livros didáticos de biologia do ensino médio publicados no Brasil. *Revista Brasileira de Pesquisa em Educação em Ciências*, 9(1), 2009.
- SCHERRER, K. E JOST, J. The gene and the genon concept: A functional and information-theoretic analysis. *Molecular System Biology*, v. 3, p. 1-11, 2007a.
- SCHERRER, K. E JOST, J. The gene and the genon concept: Coding versus regulation. A conceptual and information-theoretic analysis storage and expression in the light of modern molecular biology. *Theory in Biosciences*, v. 126, p. 65-113, 2007b.
- SMITH, M., ADKISON L. Updating the model definition of the gene in the modern genomic era with implications for instruction. *Science & Education*, v. 19, p. 1-20, 2010.

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.

VENTER, J. C., ADAMS, M. D., MYERS, E. W., LI, P. W., MURAL, R. J., SUTTON, G. G., *et. al.* The sequence of the human genome. *Science*, v. 291, p. 1305-1351, 2001.

WANG, W., ZHANG, J., ALVAREZ, C., LLOPART, A. E., LONG, M. The origin of the *Jingwei* gene and the complex modular structure of its parental gene, *Yellow Emperor*, in *Drosophila melanogaster*. *Mol Biol Evol*, v. 17, p. 1294-1301, 2000.

ⁱ Professora Assistente do Departamento de Biociências da UFS - Itabaiana, Laboratório de Ensino, História e Filosofia da Biologia (LehfBio - UFBA) - lia.midori.meyer@gmail.com

ⁱⁱ No genoma dos eucariotos, a vasta maioria dos genes são interrompidos, com seqüências codificantes (éxons) sendo intercaladas com seqüências não-codificantes (íntrons). No processamento do RNA, os íntrons são retirados do transcrito primário e os éxons são emendados no mRNA maduro. A emenda dos éxons pode ocorrer de formas diferentes, possibilitando a formação de múltiplas proteínas relacionadas (isoformas) a partir de um único gene. Desta forma, não há uma relação de equivalência entre um gene e uma proteína, mas entre um gene e várias proteínas. Este processo de combinação diferencial de éxons é chamado de “splicing alternativo”.

ⁱⁱⁱ No rearranjo genômico, várias seqüências de DNA são combinadas na produção de uma proteína única. O rearranjo genômico está envolvido, por exemplo, na geração da diversidade de receptores de antígenos de linfócitos B e T no sistema imune.

^{iv} Na edição de mRNA, o transcrito já emendado é modificado pela inserção de bases ou pela substituição de uma base por outra. Desta forma, as proteínas originadas não têm correspondência com qualquer seqüência no DNA.

^v Nosso objetivo inicial era trabalhar com uma turma de Biologia, especialmente de licenciatura, tendo em vista a importância de se formar professores com uma visão mais crítica a respeito do conceito de gene. Contudo, a turma destinada ao professor que concordou em participar da pesquisa era de calouros de Medicina. Entretanto, não consideramos este um problema, na medida em que a disciplina Biologia Celular e Molecular também é oferecida a estudantes de Biologia no início do curso, portanto, de natureza similar.

^{vi} Para uma descrição detalhada dos modelos históricos de gene, ver: Gericke e Hagberg (2007a), Gericke (2009) e Meyer (2010).

^{vii} Para uma revisão sobre estas propostas e sobre propostas recentes sobre o conceito de gene, ver Meyer *et al.* (no prelo).

^{viii} A seqüência pode ser acessada em Meyer (2010).

^{ix} Cada aluno é identificado pela sigla “A”, seguida de um número. “T.A.”; “T.B.”: Turmas. M1; M2; M3: Momentos de aplicação do questionário. Estas últimas siglas serão utilizadas também nas figuras.