

**DISCURSOS SOBRE GENES NA SALA DE AULA DE GENÉTICA EM UMA
UNIVERSIDADE FEDERAL NO BRASIL**

**DISCOURSES ABOUT GENES IN THE GENETICS CLASSROOM AT A FEDERAL
UNIVERSITY IN BRAZIL**

**DISCURSOS SOBRE GENES EN EL AULA DE GENÉTICA DE UNA
UNIVERSIDAD FEDERAL DE BRASIL**

Leonardo Celin Patino¹

Resumo: Este artigo analisa nos discursos sobre genes na sala de aula, os conceitos e modelos de função gênica usados na disciplina de Genética II na graduação em Biologia da Universidade Federal da Bahia (UFBA) no primeiro semestre do ano 2016. Conceitos de gene, aceitos pela comunidade científica e amplamente divulgados, têm sido desafiados por avanços recentes nas áreas de Genética, Biologia Molecular e Genômica. Nessa pesquisa foram aplicados dois testes, ao começo e ao final do curso, para verificar variações conceituais sobre genes no desenvolvimento do curso, com o objetivo de estabelecer relações entre os discursos sobre genes usados no processo de ensino da disciplina de genética e os testes respondidos pelos estudantes. Os principais resultados obtidos mostram que existe uma relação direta entre os discursos de genes usados na sala de aula e os questionários respondidos pelos alunos, mostrando que o conceito molecular clássico de gene e outras ideias controversas ainda estão bastante presentes nos discursos dos professores no desenvolvimento da disciplina Genética II. Os resultados encontrados sugerem a necessidade da inclusão, na educação científica, de uma abordagem mais atualizada e epistemologicamente bem fundamentada a respeito dos conceitos de gene e dos fenômenos que desafiam ideias típicas a seu respeito.

Palavras-chave: Gene. Discursos. Sala de Aula. Modelos de Função Gênica.

Abstract: This article analyzes the discourses on genes in the classroom, the councils and models of genetic function used in the discipline of Genetics II in the graduation of Biology from the Federal University of Bahia (UFBA) in the first semester of 2016. Scientifically and widely disclosed, they have been challenged by recent advances in the areas of Genetics, Molecular Biology and Genomics. Nessa researches two applied tests, at the end of the course will verify conceptual variations on genes not developing the course, as the objective of establishing relationships between the discourses on genes used but not on the discipline of genetics and the tests answered by students. The main results obtained show that there is a direct relationship between the discourses of genes used in the classroom and the questionnaires answered by some, showing that the classical molecular concept of gene and other controversial ideas are still quite present in the discourses of professors in the developing of the discipline Genetics II. The results found will suggest the need for inclusion, in scientific education, of a more up-to-date and epistemological approach based on respects of genes and the phenomena that challenge typical ideals to their respect.

¹ Doutor em Ensino, Filosofia e História das Ciências (UFBA). Mestre em Ensino, Filosofia e História das Ciências (UFBA). Licenciatura em Biologia e Química (Universidade del Atlântico). E-mail: leocell399@gmail.com. ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-0230-7818>.

Keywords: Gene. Speeches. Classroom. Models of Genetic Function.

Resumen: Este artículo analiza en los discursos sobre genes en el aula los conceptos y modelos de función de genes utilizados en la disciplina de Genética II en el curso de graduación en Biología de la Universidad Federal de Bahía (UFBA) en el primer semestre de 2016. Conceptos de genes, aceptados por la comunidad científicamente y ampliamente difundidos, han sido cuestionados por los recientes avances en las áreas de Genética, Biología Molecular y Genómica. En esta investigación se aplicaron pruebas, al inicio y al final del curso, para verificar variaciones conceptuales sobre genes en el desarrollo del curso, con el objetivo de establecer relaciones entre los discursos sobre genes utilizados en el proceso de enseñanza de la disciplina de la genética y las pruebas respondidas por los estudiantes. Los principales resultados obtenidos muestran que existe una relación directa entre los discursos de genes utilizados en el aula y los cuestionarios respondidos por los alumnos, mostrando que el clásico concepto molecular de gen y otras ideas controvertidas siguen bastante presentes en los discursos de los profesores en el desarrollo de la disciplina Genética II. Los resultados encontrados sugieren la necesidad de incluir, en la educación científica, un abordaje más actualizado y epistemológicamente fundamentado de los conceptos y fenómenos de los genes que cuestionen las ideas típicas sobre los mismos.

Palabras-clave: Gene. Discursos. Aula de clase. Modelos de Función Génica.

Introdução

O avanço da Biologia tem sido possível pelos constantes debates ocorridos ao redor de problemas e conceitos-chave desenvolvidos pela prática científica associados a uma reflexão filosófica, como por exemplo, vida, adaptação, espécie e herança. Outros conceitos, no entanto, continuam em intenso debate, na medida em que são desafiados pelos resultados de pesquisas recentes. Um destes é o conceito de gene (EL-HANI; QUEIROZ; EMMECHE, 2009; FALK, 1986, 2014; FOGLE, 1990; GRIFFITHS; NEUMANN-HELD, 1999; KELLER, 2000; LEITE, 2007; MOSS, 2001).

É aceito que o sucesso do botânico Wilhelm Ludvig Johannsen (1857-1927) esteve na diferenciação de duas ideias: i) o caráter manifesto de um organismo que se comporta como uma unidade indivisível de herança mendeliana e, por implicação, ii) a existência de algo na célula germinativa que produz o caráter manifesto (MEYER, 2010). Nesse momento, o ‘gene’ era frequentemente tratado como um conceito útil para manifestar regularidades na transmissão de características fenotípicas, mas sem uma correlação material clara (JOAQUIM, 2009).

Em 1911, o geneticista Thomas Hunt Morgan (1866-1945) estabeleceu a teoria cromossômica da herança, partindo da ideia de que os genes tinham uma base material nos cromossomos, como uma partícula indivisível, nos quais estavam organizados como as contas de um colar (SANTOS C.; EL-HANI, 2009). Nessa visão, era imprescindível que os genes estivessem separados uns dos outros para assim poder demonstrar o processo de *crossing-over*, uma das grandes contribuições dessa teoria. A visão dos genes como partículas, ou entidades

discretas e separadas, herdadas da visão mendeliana, continuou na concepção de Morgan, com algumas modificações (ALLEN, 2014). Até então, não se conhecia a estrutura molecular dos genes, e a incerteza sobre a sua natureza física fez até o próprio Morgan alternar, entre posições instrumentalistas e realistas sobre a natureza dos genes (FALK, 1986; SANTOS C.; EL-HANI, 2009).

Após a proposta do modelo de dupla hélice por Watson e Crick em 1953, o gene passou a ser tratado como unidade estrutural e funcional da herança e depois de 1960, os genes passaram a ser considerados como unidades informacionais (JOAQUIM; EL-HANI, 2010).

A instauração do Dogma Central da Biologia Molecular no qual, segundo a visão de Francis Crick em 1957 era que “o DNA faz RNA, RNA faz proteínas e as proteínas nos fazem”, configurou o triunfo do reducionismo molecular na biologia (FALK, 2014; KELLER, 2002). Dessa forma, o gene acabou sendo interpretado como uma sequência de DNA que codifica um produto funcional *único*, seja uma molécula de RNA ou um produto polipeptídico. Este modelo de compressão do conceito e função gênica ficou conhecido como *conceito molecular clássico do gene* (GRIFFITHS; NEUMANN-HELD, 1999; GRIFFITHS; STOTZ, 2013; JOAQUIM; EL-HANI, 2010). Contudo, nas décadas seguintes, a prática científica foi fornecendo sucessivas evidências sobre a natureza complexa do processo genético, a partir das quais o termo gene foi sendo modificado.

Descobertas como as dos genes interrompidos, DNA “lixo”, emenda alternativa, genes aninhados, transposons, pseudogenes, etc., desafiaram a ideia central do *conceito molecular clássico de gene* (JOAQUIM; EL-HANI, 2010), por questionar a interpretação de que: (i) um gene seria uma unidade com estrutural possuindo começo e fins bem definidos no cromossomo; (ii) e teria uma função única, sendo responsável pela produção de um polipeptídio ou molécula de RNA ao qual se poderia atribuir uma única função no contexto celular.

No aspecto funcional, poderíamos dizer que o conceito de gene enfrenta outros problemas, um deles sendo o fenômeno de *splicing alternativo*.² Esse fenômeno que consiste no processamento de formas alternativas de ordenação dos exons durante o processo de maturação do RNA pode gerar mais de uma proteína a partir de uma única sequência de DNA. Isso traz como consequência a quebra da correspondência direta entre os pares de bases nas sequências de DNA e os produtos gênicos (PABÓN, 2014, p. 204).

² Fenômeno que leva à expressão de múltiplos produtos a partir de um único locus gênico, rompendo com a relação unitária entre genes e produtos gênicos postulada pelo conceito molecular clássico (EL-HANI, 2017). Hoje tem se estabelecido que 95% de nossos genes são submetidos ao processo de splicing alternativo (FALK, 2014).

No aspecto da complexidade dos mecanismos de expressão gênica, as descobertas de sequências de RNA não codificantes de funções regulatórias pós-transcricionais, como os microRNAs, têm confundido ainda mais os limites físicos dos genes e a compreensão da organização funcional do genoma, em termos de regiões gênicas (i.e, funcionais) e regiões intergênicas (não funcionais) (OLIVEIRA C; PACHECO, 2012).

Segundo El-Hani (2014), as reações a essas anomalias foram bastante diversas. Algumas posições tornaram-se radicais, sugerindo até o abandono do conceito pela comunidade científica (GELBART, 1998; KELLER, 2002; KNIGHT, 2007; PORTIN, 1993), por carecer de capacidade explicativa e rigor preditivo ou poder heurístico. As visões mais moderadas, no entanto, buscam salvá-lo, mas sem ignorar que o conceito necessita de reformas ou reformulações (GRIFFITHS; NEUMANN-HELD, 1999; HALL, 2001; JOAQUIM; EL-HANI, 2010).

Esta pesquisa está interessada em identificar qual ou quais conceitos de gene são apresentados em sala de aula na disciplina Genética II, pelos professores da área de Genética, e qual ou quais conceitos foram mais apropriados entre os estudantes no final do curso.

Este artigo é um recorte de uma pesquisa maior, que parte da hipótese que os alunos de graduação em biologia em início de curso são influenciados pelos conceitos trazidos do Ensino Médio e que no decorrer do Ensino Superior começa um processo de sofisticação dos conceitos aprendidos que são fixados até um novo ciclo de estudos superiores acontecer. Neste processo o aluno recebe múltiplas influências, principalmente dos professores e livros didáticos, estes últimos, usados muitas vezes como um guia ou até mesmo um instrumento de controle do currículo escolar (BALL; FEINMAN-NEMSER, 1988). Esperamos encontrar uma relação de correspondência entre os conceitos ensinados na sala de aula e os conceitos aprendidos pelos alunos no final do curso. Essa correspondência mostrará se as visões e conhecimentos sobre os genes podem se tornar conflitantes entre si.

Além disso, nossa pesquisa visa conscientizar os professores sobre a construção e uso do conceito de gene em sala de aula de genética a partir dos conceitos trazidos desde o Ensino Médio construídos a partir dos livros didáticos, uma vez que eles têm sido um dos principais, se não o principal determinante do currículo, influenciando fortemente as decisões dos professores sobre seleção e sequenciação dos conteúdos, atividades de aprendizagem e modos de avaliação (EL-HANI, 2017).

De acordo com vários pesquisadores (CARVALHO; JOAQUIM; EL-HANI, 2011; GERICKE et al., 2017; JOAQUIM; EL-HANI, 2010; SANTOS C.; EL-HANI, 2009), os livros

didáticos trazem discursos deterministas sobre o papel dos genes nos sistemas vivos, impactando significativamente a sociedade com crenças, mitos e inclusive abordagens científicas que, sem esclarecer, apoiam tomadas de decisão erradas no nível institucional. Por exemplo, no livro, *Cheida, L. E. (2005). Biologia integrada. São Paulo: FTD*, se apresenta o seguinte trecho:

Atualmente, sabe-se que o gene (ou gen) é uma sequência de nucleotídeos em um DNA. Cada gene é responsável pela síntese de uma proteína, e conseqüentemente, por uma ou mais características do indivíduo, pois as proteínas podem ter funções estruturais e reguladoras do metabolismo. Os genes estão alojados nos cromossomos e são didaticamente representados por letras, números e símbolos. Por exemplo, o gene para cor de pele normal é simbolizado por A e o gene para albinismo *Cheida, L. E. (2005) apud. (EL-HANI, 2017, p. 228)*.

Neste trecho, o determinismo genético se apresenta de modo evidente. Do papel do gene na síntese proteica, deriva diretamente a determinação de características de um indivíduo. Fica claro, então, como uma concepção de gene pode favorecer fortemente uma visão determinista genética e discursos equivocados sobre raça, sexo, doenças, dentre outros.

Nas seguintes seções deste trabalho vamos encontrar a metodologia, onde descrevemos como coletamos os dados e como eles foram processados. Em seguida apresentamos os resultados e discussões, assim como as considerações finais.

Metodologia

No processo de investigação do conceito de gene e função gênica, foi selecionada uma turma que cursou a disciplina de Genética II no semestre 2015.2, sendo lecionadas por professores do Instituto de Biologia da UFBA.

O grupo total de pessoas matriculadas na disciplina foi de 45 pessoas, das quais 39 responderam ao primeiro teste. No final do curso, por diversos motivos, o número de estudantes do curso diminuiu para 30 pessoas, das quais 22 responderam ao segundo teste.

Coleta e análise dos dados

Os dados foram coletados de duas formas: a primeira por meio de questionários aplicados em dois momentos, antes e depois do curso, no intuito de identificar entendimento e as variações conceituais dos estudantes a respeito dos genes. E a segunda, por meio da gravação das aulas da disciplina, com o objetivo de analisar o que conceito e modelo de função gênica teve mais relevância no seu uso na hora de explicar os fenômenos genéticos e moleculares na

disciplina.

Em geral, o questionário pode ser dividido em duas partes: a primeira composta por questões relativas à informação pessoal do aluno e a segunda composta por três etapas: (a) perguntas abertas; (b) perguntas baseadas em ilustrações ou imagens das representações de diversos fenômenos genéticos desafiadores do conceito molecular clássico de gene, e; (c) perguntas fechadas com alternativas de escolha livre ou fechada.

O presente trabalho cumpriu com todos os requisitos exigidos pelo Comitê de Ética da universidade. Os estudantes e professores participantes do projeto de pesquisa assinaram os respectivos Termos de Consentimento Livre e Esclarecido.

Análise dos dados

A análise dos dados, tanto nos questionários quanto nos discursos na sala de aula, foi feita baseado na análise categórica (BARDIN, 2009). Essa análise consiste na análise dos trechos selecionados das entrevistas que falavam dos genes e/ou função gênica, as quais foram comparadas com as categorias existentes na literatura científica, histórica e filosófica sobre os diferentes conceitos de gene e/ou função gênica. Contudo, tivemos categorias próprias que emergiram indutivamente após a análise das respostas dos entrevistados. As aulas foram gravadas e posteriormente transcritas, na qual os trechos importantes das falas dos professores e alunos foram analisados tanto qualitativamente, com base na literatura científica, histórica e filosófica sobre conceitos de gene e ideias sobre função gênica, surgindo assim as categorias de análise usadas neste trabalho (BOGDAN; BIKLEN, 2003).

As seguintes categorias de conceitos de gene foram usadas nas análises dos discursos dos professores e alunos na sala de aula e nos questionários, (Questão 01): *gene molecular clássico*; *gene informacional*; *gene-P* e *gene-D* (MOSS, 2001); *gene mendeliano*, *gene molecular processual*, *gene contemporâneo*, (MEYER; BOMFIM; EL-HANI, 2013) e *falta de um conceito claro*, quando o estudante apresentava dificuldades na argumentação e construção da sua resposta, sendo assim incapaz de responder adequadamente a pergunta, apesar do contato prévio com as discussões sobre o problema do conceito de gene.

Para as questões abertas 02, 07 e 08, foram usadas as seguintes categorias da escala Likert: *concordo completamente*; *concordo parcialmente*; *nem discordo e nem concordo*; *discordo parcialmente* e *discordo totalmente*; na finalidade de observar o grau de aprovação de diferentes trechos de livros ou artigos que apresentavam conceitos sobre gene e função gênica.

Para as questões 04, 05 e 06, foram construídas as seguintes categorias de modelos de

função gênica: *transmitir caracteres hereditários; 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; Servir como unidade de seleção; Outras.*

Nas questões 09 e 10 foram apresentadas imagens dos processos de *splicing alternativo* e do fenômeno de *overlapping*³ com o intuito de analisar sua percepção a respeito dos desafios recentes ao conceito de gene. As respostas foram categorizadas entre aqueles que: (a) consideram que o *splicing alternativo* têm implicações ao conceito de gene no que concerne à correspondência 1:1:1 entre sequência, gene, produto gênico e função gênica, com a letra; (b) consideram que têm consequências, mas que não se referem explicitamente à relação entre gene, produto gênico e função gênica, mas sim a questões gerais; (c) não conseguiram identificar problemas ao conceito de gene por ter superado o conceito molecular clássico; (d) não conseguiram enxergar dificuldades, mesmo ainda mantendo o conceito molecular clássico de gene; (e) sabiam responder ou não compreendiam a imagem.

Análise de taxa de concordância entre avaliadores

Para aumentar a confiabilidade de nossa investigação, a análise dos dados foi realizada de forma independente por dois pesquisadores com experiência nesse campo de estudo. O processo de validação dos resultados foi feito em dois momentos, um primeiro momento os pesquisadores se reuniram para confrontar os seus dados e discutir as categorias de análise inicialmente propostas.

Realizamos a análise de concordância de Krippendorff, que permite lidar estatisticamente com a probabilidade de concordância por acaso entre os pesquisadores, já que corrige a concordância do índice Kappa-Cohen que não tem em conta esse elemento estatístico, além de outras limitações como o uso de quantias de dados maiores (KRIPPENDORF, 2004).

O valor da taxa de concordância de Krippendorff para o primeiro momento de discussão dos resultados foi de $(\alpha) 0,71$ para o primeiro questionário e $(\alpha) 0,673$, para o segundo questionário. Após a reunião entre os pesquisadores a taxa de concordância aumentou radicalmente à taxa de 1 que é a máxima e que a literatura considera “acordo quase perfeito” (VIERA; GARRETT, 2004).

³ Overlapping é um fenômeno na qual um gene cuja sequência de nucleotídeos expressável se sobrepõe parcialmente à sequência de nucleotídeos expressável de outro gene. Desta forma, uma sequência de nucleotídeos pode contribuir para a função de um ou mais produtos gênicos (CARVALHO; JOAQUIM; EL-HANI, 2011).

Resultados

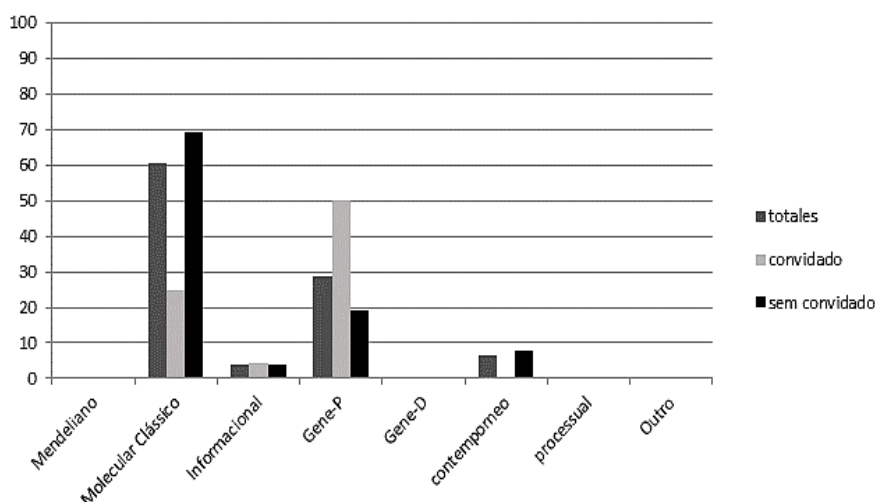
Discursos sobre genes na sala de aula

A disciplina escolhida foi ministrada em um total de 14 aulas teóricas de duas horas, das quais em 12 foi usado o conceito de gene. Para a análise estabeleceram-se 80 unidades de registro ou eventos onde o conceito de gene aparece. A palavra gene foi mencionada várias vezes por professores e alunos, algumas unidades de registro tinham até 5 vezes a palavra, no entanto, o conceito de gene só emergiu da análise integral desse evento, pois a análise da palavra isolada ficava sem sentido.

Temos que destacar que, das 12 aulas analisadas, uma delas foi ministrada por um professor convidado que ministrou uma palestra sobre transgenia. Nessa palestra o conceito de gene foi usado com uma frequência maior do que as outras aulas, isso nos obrigou a fazer a análise da frequência dos conceitos usados apenas nessa aula para determinar o grau de influência final dessa aula sobre a frequência final de conceitos usados ao longo da disciplina.

Após de analisar os discursos sobre genes usados na sala de aula ao longo da disciplina os conceitos de gene mais usados foram o *conceito molecular clássico* com uma frequência de 60,5%, seguido por o *conceito de gene P*, com uma frequência de um 29%, o conceito de gene *informacional* apareceu com uma porcentagem de 4%. No entanto, o conceito *contemporâneo* apareceu com uma frequência de 6,5%. As demais categorias não apareceram (Figura 1).

Figura 1- Frequência dos conceitos de gene usados ao longo do curso de Genética II, e na palestra do professor convidado.



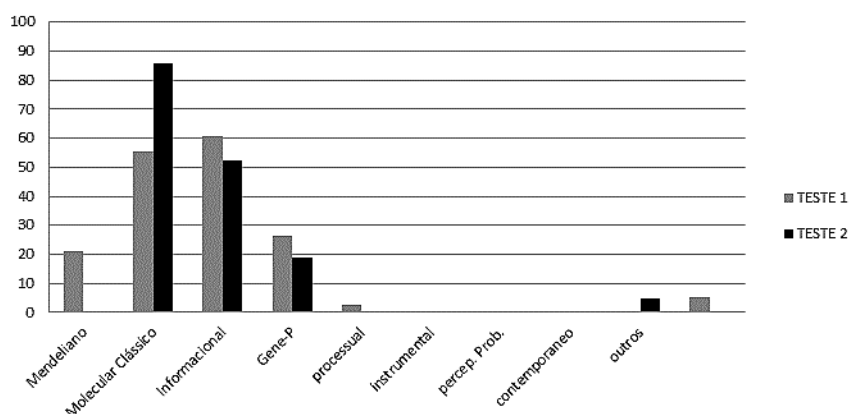
Fonte: Dados da pesquisa.

Na aula do professor convidado observamos que numa amostragem de 25 eventos, a frequência dos conceitos de genes usados foi de 50% para o *conceito de gene P*, seguido de um 25% do *conceito molecular clássico*; o conceito *informacional* apareceu em uma porcentagem de 4%. Entretanto, nas demais aulas, 11 em total, o conceito mais frequente foi o conceito *molecular clássico* num 69,2% enquanto que o *conceito de gene P* foi apenas de 19,2%. Consideramos, portanto, que embora a aula do professor convidado tenha tido muita relevância pela quantidade do uso do conceito de gene em comparação com outras aulas, o gráfico não mostrou influência notável, em relação ao uso do conceito molecular clássico que apareceu nas demais aulas.

Questionários

Na pergunta 01 dos testes 1 e 2, *para você que é um gene?* Podemos observar que as respostas se relacionam com o grau de conhecimentos dos alunos. No primeiro teste, pode-se observar que prevaleceu o conceito *informacional* do gene com 60,5% de frequência, acima do *conceito molecular clássico* que teve uma frequência de 55,2%, e dos conceitos de “gene P” 26,3% e do *mendeliano* que apareceu em 21%. No segundo questionário, as respostas mudaram, aparecendo o *conceito molecular clássico* com um registro maior de presença, 85,7%, enquanto que o conceito *informacional* alcançou 52,3%. No entanto, o *conceito de gene P* caiu até 19%, o conceito *mendeliano* não apareceu nas respostas do segundo teste (Figura 2).

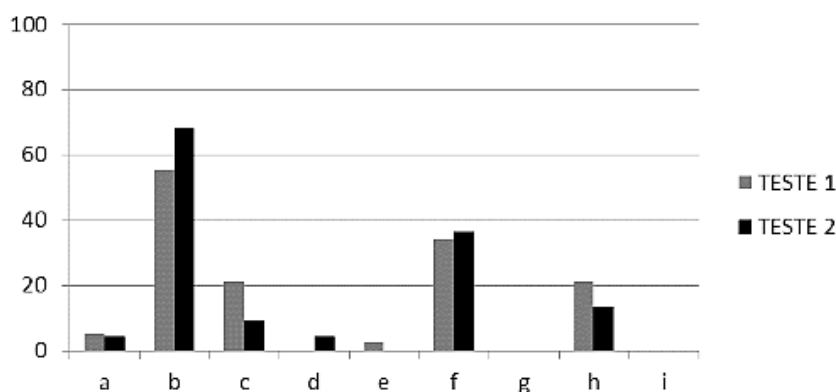
Figura 2- Respostas para a questão *Em sua visão, o que é um gene?*



Fonte: Dados da pesquisa

Na questão 04⁴, se perguntou: *Os genes cumprem funções importantes nas células. Quais as funções dos genes nas células?* As respostas dos estudantes no primeiro questionário dividiram-se majoritariamente entre os modelos *codificar estrutura primária de polipeptídios*, 55,2%, e *controlar metabolismo celular*, 34,2%, e *programar ou instruir a função celular ou desenvolvimento*, 21%. De forma menos frequente, apresentaram-se outras categorias como *transmitir caracteres hereditários*, 5,2%, e a categoria *outros*, 21%. No segundo questionário as respostas dos estudantes mudaram consideravelmente, favorecendo as categorias *codificar estrutura primária de polipeptídios* com 68,1% e *Controlar metabolismo celular* com 36,3%. A categoria *programar ou instruir a função celular ou desenvolvimento* caiu para 9%, e a categoria *outros* para 13% (Figura 3).

Figura 3- Respostas para a questão *Quais as funções dos genes nas células?*



Foram consideradas as seguintes categorias: (a) Transmitir caracteres hereditários; (b) Codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs; (c) Programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento; (d) Causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica; (e) Propiciar recurso para o desenvolvimento; (f) Controlar metabolismo celular; (g) Servir como unidade de seleção; (h) Outros; (i) não sabe ou não responde.

Fonte: Dados da pesquisa.

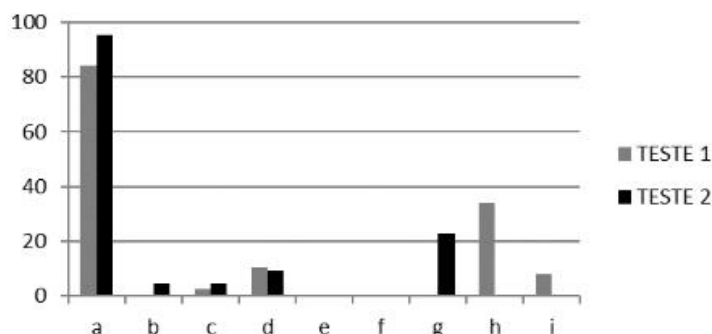
Na questão 05 se perguntou aos alunos: *Os genes cumprem funções importantes na herança. Quais são as funções dos genes na herança?* As respostas tanto no primeiro quanto no segundo questionário registraram quase o mesmo padrão: 84,2% e 95,4% para a categoria *transmitir caracteres hereditários*. O primeiro teste apresentou um tipo de resposta bem interessante, 34,2% dos alunos responderam que os genes tinham a função, além da transmissão

⁴ As respostas das questões 2 e 3 foram suprimidas desse trabalho pois os estudantes, na maioria dos casos, não as responderam ou deram respostas insuficientes.

de caracteres hereditários, de *armazenar ou carregar informações*, mas logo no segundo questionário esse tipo de resposta desapareceu.

Os dois testes apresentaram porcentagens de frequências menores em outras categorias. Por exemplo, no primeiro questionário se apresentou com uma frequência de 10,5% a categoria *causar diferença fenotípica*, mas no segundo teste caiu para 9% e a categoria “não sabe ou não responde” aparece numa porcentagem de 7,8% no primeiro teste, mas não apareceu para o segundo questionário (Figura 4).

Figura 4- Respostas para a questão *Quais são as funções dos genes na herança?*

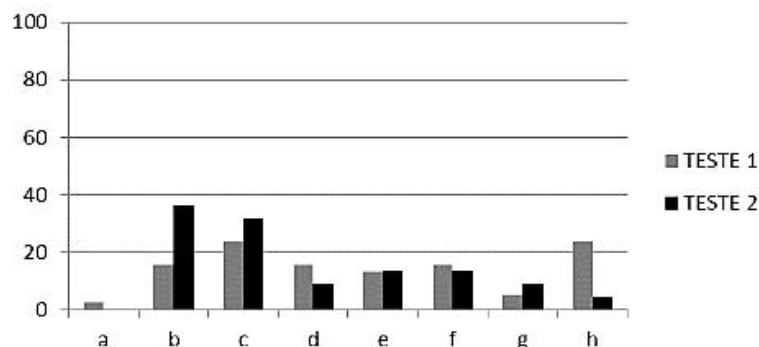


Foram consideradas as seguintes categorias: (a) Transmitir caracteres hereditários; (b) Codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs; (c) Programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento; (d) Causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica; (e) Propiciar recurso para o desenvolvimento; (f) Controlar o metabolismo celular; (g) Servir como unidade de seleção; (h) Outros (i) não sabe, não responde.

Fonte: Dados da pesquisa.

Na questão 06 a pergunta foi: *Os genes cumprem funções importantes no desenvolvimento. Quais as funções dos genes no desenvolvimento?* As respostas dos estudantes no primeiro questionário mostraram inclinação para as categorias *Programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento* com 38,4%, *Causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica* com 35,8% e *não sabe ou não responde* com 23%. No segundo questionário as respostas dos alunos inclinaram-se majoritariamente pelas categorias *Codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs* com 27,2%, *Programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento* com 40,9%. A categoria *Causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica* caiu até um 13,6%, enquanto que a categoria *Propiciar recurso para o desenvolvimento* aumentou até 13,6% em relação com o primeiro questionário; a categoria *outros* apareceu numa porcentagem de 4,5%, enquanto que a categoria *não sabe* diminuiu até um 9% (Figura 5).

Figura 5- Respostas para a questão Quais as funções dos genes no desenvolvimento?



Para as funções gênicas, foram consideradas as seguintes categorias: (a) Transmitir caracteres hereditários; (b) Codificar estrutura primária de polipeptídeos ou RNAs; (c) Programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento; (d) Causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica; (e) Propiciar recurso para o desenvolvimento; (f) Controlar metabolismo celular (g) Outros. (h) não sabe

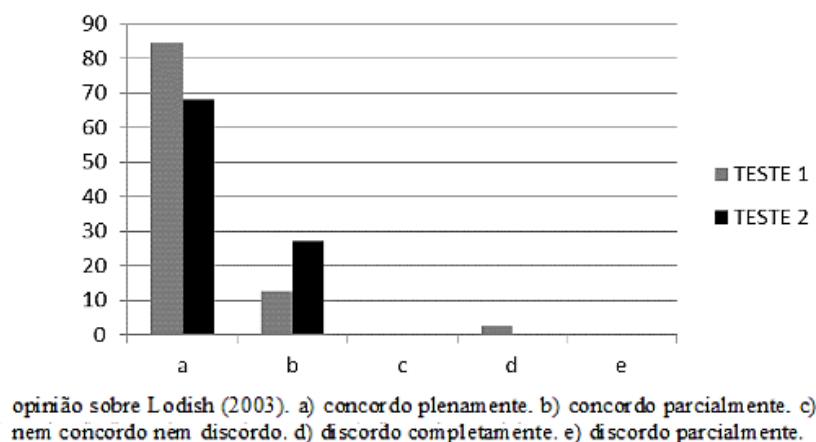
Fonte: Dados da pesquisa.

Na questão 07, foi apresentado aos estudantes um trecho do livro Lodish (2003), com o objetivo de conhecer seu nível de aceitação por parte dos alunos:

Em termos moleculares, um gene é usualmente definido como toda a sequência de ácido nucléico que é necessária para a síntese de um polipeptídeo funcional. De acordo com esta definição, um gene inclui mais do que os nucleotídeos que codificam a sequência de aminoácidos de uma proteína, conhecida como a região codificadora. Um gene também inclui todas as sequências de DNA necessárias para a síntese de um transcrito de RNA particular. Em alguns genes procarióticos, as sequências de DNA que controlam a iniciação da transcrição pela RNA polimerase podem se encontrar a milhares de pares de bases da região codificadora (LODISH, 2003, p. 243).

No primeiro teste, a categoria *concordo plenamente* teve uma frequência de 56,4%, enquanto que a categoria *concordo parcialmente* teve uma frequência de 33,3%, as categorias *nem concordo, nem discordo* e *discordo parcialmente* tiveram uma frequência de 7,7% e 2,5% respectivamente. No entanto, no segundo teste a categoria *concordo plenamente* diminuiu para uma frequência de 40,9%, enquanto que a categoria *concordo parcialmente* aumentou para 45,4%, e a categoria *discordo plenamente* apareceu com uma frequência de 9% (Figura 6).

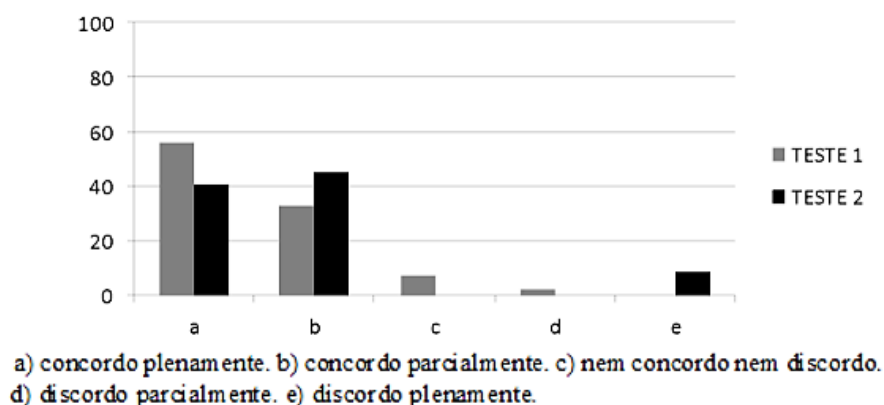
Figura 6- Avaliação dos estudantes de um trecho do livro Lodish (2003)



Fonte: Dados da pesquisa.

Na questão 08, se perguntou a opinião sobre o trecho: *O genótipo é o projeto de um organismo, o conjunto de instruções para o desenvolvimento recebido dos pais. O fenótipo é a manifestação da informação contida no genótipo na forma de características morfológicas, fisiológicas, bioquímicas ou comportamentais.* Os estudantes concordaram completamente no primeiro teste numa porcentagem de 84,6%, enquanto que 12,8% dos alunos concordaram parcialmente, e 2,56% discordaram parcialmente. No segundo teste, a categoria *concordo plenamente* registrou uma frequência menor nas respostas, 68,1%, enquanto que a categoria *concordo parcialmente* registrou uma frequência de 27,2% (Figura 7).

Figura 7- Opinião dos estudantes sobre a afirmação “*O genótipo é o projeto de um organismo, o conjunto de instruções para o desenvolvimento recebido dos pais. O fenótipo é a manifestação da informação contida no genótipo na forma de características morfológicas, fisiológicas, bioquímicas ou comportamentais.*”



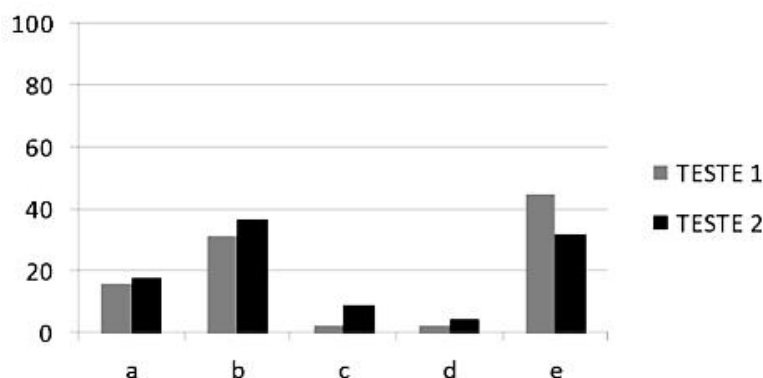
Fonte: Dados da pesquisa.

Nas questões 09 e 10, foram mostradas imagens sobre dois desafios ao conceito clássico de gene, o fenômeno de *splicing alternativo* e o fenômeno de *overlapping*, respectivamente, com o intuito de analisar a percepção dos estudantes sobre esses desafios.

Na questão 09, o primeiro teste mostrou que 44,7% dos alunos não sabia opinar, enquanto que 31,5% inclinaram-se pela categoria (b), isto é, que reconheceram na imagem da *splicing* alternativo alguma importância como desafio ao conceito de gene, mas se limitaram a responder questões gerais sobre o assunto. Uma porcentagem menor, 15,7%, dos alunos respondeu que o fenômeno tem consequências para o conceito de gene; 2,6% dos alunos responderam que o fenômeno não tem consequências, mas porque para eles o conceito já está superado. Uma porcentagem similar não encontrou desafios para o conceito de gene e manifestaram o conceito molecular clássico.

No segundo teste, a categoria (b) apresentou frequência de 36,6%, na qual o estudante alcança enxergar desafios ao conceito de gene, mas suas respostas são gerais; a porcentagem das respostas da categoria (e) caiu para 31,8% ; enquanto que a categoria (a) aumentou para 18,1%. No entanto, as categorias (c) e (d) aumentaram para 9%, e 4,5% respectivamente (Figura 8).

Figura 8- Opinião dos estudantes sobre o fenômeno de *splicing alternativo* e implicações para o conceito de gene molecular clássico.

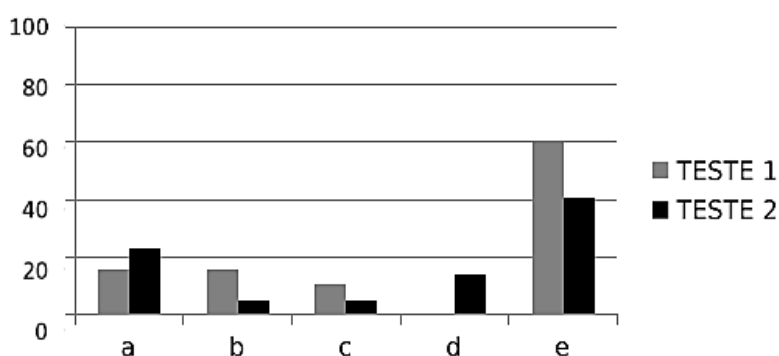


(a) Sim, o fenômeno tem consequências para o conceito de gene, e a justificativa se baseia no reconhecimento de algum aspecto relativo à ausência de uma correspondência de 1:1:1 entre gene, sequência de DNA, produto gênico e função gênica. (b) Sim, o fenômeno tem consequências para o conceito de gene, e a justificativa se baseia apenas na explicação do fenômeno ou aspectos dele. (c) Não, o fenômeno não tem consequências para o conceito de gene, pois o conceito molecular clássico já foi superado (d) não o fenômeno não tem consequências para o conceito molecular clássico ele ainda tem conceito molecular clássico. (e) Incompreensível, não responde ou não sabe.

Fonte: Dados da pesquisa.

Na questão 10, o primeiro teste mostrou que 60,5% dos estudantes não conheciam o fenômeno de *overlapping*, enquanto que no segundo teste esse número diminuiu até 40,9%. No segundo teste apareceu a categoria (d), que não havia aparecido no primeiro teste, com uma frequência de 13,6%; a categoria (b) apareceu em menor proporção em relação ao primeiro teste, 4,5%, e a categoria (c) também apareceu menos, passando de 10,5% para 4,5%. No entanto, a categoria (a) aumentou de 15,7%, para 22,7% (Figura 9).

Figura 9- Opinião dos estudantes sobre o fenômeno de *overlapping* e implicações para o conceito de gene molecular clássico.



a) Sim, o fenômeno tem consequências para o conceito de gene, e a justificativa se baseia no reconhecimento de algum aspecto relativo à ausência de uma correspondência de 1:1:1 entre gene, sequência de DNA, produto gênico e função gênica. (b) Sim, o fenômeno tem consequências para o conceito de gene, e a justificativa se baseia apenas na explicação do fenômeno ou aspectos dele. (c) Não, o fenômeno não tem consequências para o conceito de gene, pois o conceito molecular clássico já foi superado (d) não o fenômeno não tem consequências para o conceito molecular clássico ele ainda tem conceito molecular clássico. (e) Incompreensível, não responde ou não sabe.

Fonte: Dados da pesquisa.

Discussão dos Resultados

Esta pesquisa esteve interessada em estabelecer relações entre o conceito de gene usado em sala de aula na disciplina genética II, pelos professores da área e os conceitos que foram mais influentes nos estudantes no final do curso, através da análise comparativa dos questionários feitos no começo e no final do curso. A nossa pesquisa parte da hipótese que os alunos de graduação em biologia ainda estão influenciados pelos conceitos trazidos do Ensino Médio no que concerne à genética, e que no Ensino Superior se inicia um processo de sofisticação dos conceitos. Neste processo, o aluno recebe múltiplas influências, principalmente dos professores e livros didáticos. Esperávamos encontrar uma relação de correspondência entre o conhecimento sobre genética e visões sobre genes, que podem se tornar problemáticas

a depender de seu tratamento na disciplina ao longo do curso.

Temos que frisar que a observação de aula só nos fornece elementos de análise concretos no contexto da sala de aula, mas não oferecem informação sobre outras variáveis importantes no processo de aprendizagem dos estudantes como podem ser os processos extracurriculares, nesse sentido os resultados produtos da análise dos questionários estão unicamente relacionados com os eventos acontecidos na sala de aula e tentará estabelecer relações a partir dessas duas variáveis.

Assim, feita esta ressalva, nossa pesquisa confirmou a nossa hipótese. Observamos diferenças importantes nas respostas dos questionários antes e depois do curso dos alunos, nas suas concepções sobre genes e modelos de função gênica, correlacionadas em grande parte com os modelos de função gênica e os conceitos de gene que imperavam nos discursos dos professores da disciplina.

O gráfico referente aos discursos na sala de aula dos professores, mostra que os conceitos de gene e modelos de função gênica que tiveram mais frequência ao longo da disciplina foram os conceitos *molecular clássico*, e *gene P* enquanto que os modelos de função gênica imperaram a concepção dos genes como causantes de diferenças genotípicas e como codificadores de proteínas, que se corresponde com os conceitos de gene *molecular clássico* e *gene P* já mencionados.

Por sua vez, os questionários mostraram variações conceituais interessantes em relação ao conceito de gene, por exemplo, quando foi perguntado aos alunos sobre o que pensavam sobre o que é um gene, observamos uma variação do conceito informacional no primeiro teste ao molecular clássico no final do curso.

Quando observamos a relação que estabelecem os estudantes em relação dos genes com o DNA, observamos que no primeiro teste predominavam a visão molecular clássica e informacional em igual proporção, mas no segundo teste a frequência variou drasticamente para o conceito molecular clássico. Quer dizer, no final da disciplina observamos, a partir das análises dos questionários e observação de aula, que o conceito mais influente nos estudantes foi o conceito molecular clássico do gene. Uma boa explicação para isso pode ser a análise dos eventos avaliativos da disciplina, na qual as perguntas da prova estavam focadas no modelo molecular clássico, mas é apenas uma hipótese porque a pesquisa não teve esse objetivo de analisar os outros eventos pertencentes aos contextos à disciplina.

No que concerne aos modelos de função gênica observamos que houve correspondência com os discursos usados na sala de aula. Os alunos passaram de uma visão molecular clássica

com uma porcentagem estatístico importante da concepção informacional no primeiro teste a uma visão molecular clássica com uma a ideia dos genes como controladores do metabolismo celular mais forte no segundo teste, isso em relação à pergunta sobre suas ideias sobre a atividade dos genes nas células. Em relação à pergunta dos genes na sua relação com a herança consolidou-se a visão dos genes como transmissores de caracteres hereditários.

Enquanto aos desafios ao conceito de gene os estudantes conseguiam identificar aspectos desafiantes nele, mas suas explicações não foram consistentes tanto no primeiro quanto no segundo teste, o padrão de respostas foi o mesmo em relação a sua progressão no conhecimento, a porcentagem das respostas onde os estudantes não sabiam responder foi sempre menor no segundo teste.

Conclusões

Essa pesquisa mostrou que existe grande diversidade de conceitos sobre genética presentes nos discursos dos estudantes. Em relação ao conceito de gene, os estudantes chegaram com os conceitos que são normalmente abordados no ensino médio e terminaram com os conceitos que correspondem ao nível de graduação, como são os *conceito molecular clássico* e o *conceito de gene P*. Resultado semelhante a pesquisa de Santos e El-Hani (2009).

Devemos nos preocupar com a variação conceitual na sala de aula? Sim. Cada área da genética conta com modelos de função gênica e conceitos de gene que explicam muito bem a sua parcela do seu conhecimento, contudo, não é o uso do conceito em si o que gera problemas, é sim, a extrapolar modelos de função gênica de um campo para outro sem as devidas ressalvas.

Referências

ALLEN, G. E. Origins of the Classical Gene Concept, 1900–1950: Genetics, Mechanistic, Philosophy, and the Capitalization of Agriculture. **Perspectives in Biology and Medicine**, v. 57, n. 1, p. 8–39, 2014. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/25345700/>. Acesso em: 09 jun. 2018.

BALL, D. L.; FEINMAN-NEMSER, S. Using textbooks and teachers guide: A dilemma for beginning teachers and teacher educators. **Curriculum Inquiry**, v. 18, n. 4, p. 401-423, 1988. Disponível em: <https://www.tandfonline.com/doi/abs/10.1080/03626784.1988.11076050>. Acesso em: 04 maio 2017.

BARDIN, L. **Análise de conteúdo**. Lisboa: Edições 70. LDA, 2009.

BOGDAN, R. C.; BIKLEN, S. K. **Investigação qualitativa em educação: uma introdução à teoria e aos métodos**. Porto: Porto, 2003.

CARVALHO DOS SANTOS, V.; JOAQUIM, L.; EL-HANI, C. Hybrid deterministic views about genes in biology textbooks: A key problem in genetics teaching. **Science & Education**, v. 21, n. 4, p. 543-578, 2012. Disponível em:

<https://link.springer.com/article/10.1007/s11191-011-9348-1>. Acesso em: 09 jun. 2018.

EL-HANI, C. **Repensando o gene na era pós-genômica**, 2017. Disponível em:

<https://www.bahia.fiocruz.br/repensando-o-gene-na-era-pos-genomica/>. Acesso em: 01 out. 2021.

EL-HANI, C.; QUEIROZ, J.; EMMECHE, C. **Genes, Information, and Semiosis**. Tartu: Tartu university Press, 2009.

FALK, R. What is a gene? **Studies in History and Philosophy of Science Part A**, v. 17, n. 2, p. 133-173, 1986. Disponível em:

<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/0039368186900245>. Acesso em: 03 mar. 2017.

FALK, R. The allusion of the gene: misunderstandings of the concepts heredity and gene. **Science & Education**, v. 23, n. 2, p. 273-284, 2014. Disponível em:

<https://link.springer.com/article/10.1007/s11191-012-9510-4>. Acesso em: 01 abr. 2021.

FOGLE, T. Are genes units of inheritance?. **Biology and Philosophy**, v. 5, n. 3, p. 349-371, 1990. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/BF00165258>. Acesso em: 09 out. 2020.

GELBART, W. M. Databases in genomic research. **Science**, v. 282, n. 5389, p. 659-661, 1998. Disponível em: <https://www.science.org/doi/10.1126/science.282.5389.659>. Acesso em: 04 mai. 2020.

GERICKE, N. et al. Exploring Relationships Among Belief in Genetic Determinism, Genetics Knowledge, and Social Factors. **Science & Education**, v. 26, n. 10, p. 1223-1259, dez. 2017. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11191-017-9950-y>. Acesso em: 09 fev. 2022.

GRIFFITHS, P.; NEUMANN-HELD, E. The many faces of the gene. **BioScience**. v. 49, n. 8, p. 656-662, 1999. Disponível em:

<https://academic.oup.com/bioscience/article/49/8/656/254736>. Acesso em: 08 fev. 2020.

GRIFFITHS, P.; STOTZ, K. **Genetics and philosophy: an introduction**. Cambridge, New York: Cambridge University Press, 2013.

HALL, B. K. The gene is not dead, merely orphaned and seeking a home. **Evolution & Development**, v. 3, n. 4, p. 225-228, 2001. Disponível em:

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/11478519/>. Acesso em: 06 jun. 2019.

JOAQUIM, L. **Genes: Questões Epistemológicas, Conceitos Relacionados e Visões de Estudantes de Graduação**. 2009. Dissertação (Mestrado em Ensino, Filosofia e História das Ciências) Salvador, Bahia: Universidade Federal Da Bahia, 2009.

JOAQUIM, L.; EL-HANI, C. A genética em transformação: crise e revisão do conceito de gene, **Scientiae Studia**. v. 8, n. 1, p. 93–128, 2010. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/ss/a/bXqv9MVdRy6DvKzVQjWWNdf/?format=pdf&lang=pt>. Acesso em: 01 maio 2021.

KELLER, E. F. **The Century of the Gene**. Cambridge: Harvard University Press, 2000.

KELLER, E. F. **Making sense of life: explaining biological development with models, metaphors, and machines**. Cambridge, Mass: Harvard University Press, 2002.

KNIGHT, R. Reports of the death of the gene are greatly exaggerated. **Biology & Philosophy**, v. 22, n. 2, p. 293-306, 2007. Disponível em: <http://mechanism.ucsd.edu/teaching/philbio/readings/knight.deathofgeneexaggerated.2007.pdf>. Acesso em: 08 mar. 2020.

KRIPPENDORF, K. **Content Analysis: An Introduction to Its Methodology**. London: Sage Publications, 2004.

LEITE, M. **Promessas do genoma**. São Paulo: Editora UNESP, 2007.

LODISH, H. et al. **Molecular cell biology**. New York: W. H. Freeman, 2003.

MEYER, L. M. **Como ensinar a Estudantes Universitários de ciências biológicas e ciências da saúde sobre a crise do conceito de Gene?** 2010. Dissertação (Mestrado em Ensino, Filosofia e História das Ciências). Salvador, Bahia: Universidade Federal da Bahia, 2010.

MEYER, L. M. N.; BOMFIM, G. C.; EL-HANI, C. N. How to Understand the Gene in the Twenty-First Century?. **Science & Education**, v. 22, n. 2, p. 345-374, 2013. Disponível em: <https://repositorio.ufba.br/handle/ri/17209>. Acesso em: 10 mar. 2022.

MOSS, L. Deconstructing the gene and reconstructing molecular developmental systems. In: OYAMA, S.; GRIFFITHS, P.; GRAY, R. (eds.). **Cycles of contingency: developmental systems and evolution**. Cambridge-MA: Cambridge University press, 2001. p. 85–97.

OLIVEIRA C, E. B.; PACHECO, C. Micro-RNAs: Perspectivas atuais da regulação da expressão gênica em eucariotos. **Biosaúde**. v. 14, n. 2, p. 81–93, 2012. Disponível em: <https://www.uel.br/revistas/uel/index.php/biosaude/article/viewFile/24333/17920#:~:text=Esses%20RNAs%20funcionam%20como%20reguladores,7%2C8%2C9>). Acesso em: 12 abr. 2020.

PABÓN, J. **La Relación entre el Reduccionismo y la Biología: Análisis Filosófico en el Contexto de la Genética, la Evolución y el Desarrollo**. Sant Celoni, España: Universidad Nacional de Educación a Distancia, 2014.

PORTIN, Petter. The concept of the gene: short history and present status. **The Quarterly Review of Biology**, v. 68, n. 2, p. 173-223, 1993. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/7688132/>. Acesso em: 01 fev. 2022.

SANTOS C., V.; EL-HANI, C. 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. Disponível em: <https://periodicos.ufmg.br/index.php/rbpec/article/view/4010>. Acesso em: 19 mar. 2021.

VIERA, A.; GARRETT, J. Understanding interobserver agreement: the kappa statistic. **Family medicine**, v. 37, n. 5, p. 360-363, 2005. Disponível em: http://www1.cs.columbia.edu/~julia/courses/CS6998/Interrater_agreement.Kappa_statistic.pdf. Acesso em: 03 mai. 2020.

Recebido em: 12 de janeiro de 2022.
Aprovado em: 25 de março de 2022.