

Visões sobre genes em uma comunidade de pesquisa em Genética, Genômica e Biologia Molecular

Views about genes in the in a research community on Genetics, Genomics, and Molecular Biology

Resumo

Visões sobre genes aceitas pela comunidade científica e presentes na mídia e escola têm sido desafiadas por avanços nas áreas de Genética, Biologia Molecular e Genômica. Para entender a circulação dessas visões e de novas propostas, investigamos como genes são entendidos por pesquisadores de uma comunidade científica dedicada a estas áreas, incluindo estagiários de iniciação científica, pós-graduandos e professores. Os resultados obtidos numa análise de 53 entrevistas semi-estruturadas mostraram que visões sobre genes desafiadas por achados das três últimas décadas estão presentes nos discursos dos alunos de graduação e pós-graduação. O discurso dos pesquisadores se afasta, em sua grande maioria, dessas visões. Esses achados indicam que o aumento do conhecimento sobre Genética, Biologia Molecular e Genômica tem um efeito sobre o entendimento acerca dos genes e que há necessidade de inclusão, na educação científica de nível superior, de uma abordagem mais atualizada a este respeito.

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

Abstract:

Advances in the areas of Genetics, Molecular and Genomic Biology have challenged views on genes accepted by the scientific community and present in the media and school. To understand the circulation of these visions and new proposals, we investigate how genes are understood by researchers from a scientific community dedicated to these areas, including undergraduate trainees, graduate students and active professors. The results obtained in an analysis of 53 semi-structured interviews showed that visions about genes challenged by findings of the last three decades are present in the discourses of undergraduate and graduate students. The discourse of the professors departs, for the most part, from these visions. These findings indicate that increased knowledge about genetics, molecular and genomic biology has an effect on the understanding of genes and that there is a need for more up-to-date approaches of such topics in higher education.

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

Introdução

O avanço da Biologia envolve, como no caso de qualquer ciência, debates sobre problemas e conceitos-chave mobilizados na prática científica, como exemplificam as polêmicas sobre conceitos como os de adaptação, espécie e herança. Assim, não devem causar espanto os intensos debates sobre o conceito de gene nas últimas décadas (ver, p. ex., FALK, 1986, 2014; FOGLE, 1990, 2000; GRIFFITHS, NEUMANN-HELD, 1999; MOSS, 2001, 2003; KELLER, 2002, 2005; LEITE, 2006; EL-HANI, 2007)

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

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

Em associação aos variados conceitos de genes presentes no discurso da Genética e Biologia Molecular, e com o intuito de fornecer bases para a pesquisa sobre ensino de Genética, Gericke e Hagberg (2007) descreveram vários modelos de função gênica. Esses modelos associam ideias do que são os genes, ou seja, conceitos de genes, a ideias a respeito do que os genes fazem, ou seja, da função desses genes. Esses modelos foram sistematizados subsequentemente por vários autores (SANTOS et al. 2012; MEYER et al 2013; GERICKE et al. 2014) e uma modificação desses modelos utilizada no presente estudo se encontra na Tabela 1.

Modelos de função gênica	Conceitos de gene	Breve descrição da função
Modelo Mendeliano	Gene Mendeliano – gene como unidade de transmissão ou herança	Transmitir características hereditárias
	Gene-P – gene como determinante de diferenças fenotípicas	Causar ou determinar diferenças fenotípicas
Modelo molecular-informacional	Gene molecular clássico – gene como unidade estrutural e funcional no DNA, sequência de	Codificar estrutura primária de polipeptídeos ou RNAs

	nucleotídeos contínua, com começo e fim bem definidos	
	Concepção informacional – gene como unidade informacional ou mensagem única no DNA	Programar ou instruir função celular ou desenvolvimento
Situação atual do conceito: “gene em fluxo”	Gene-D – gene como recurso desenvolvimental, em paridade causal com outros recursos	Propiciar recursos para o desenvolvimento
	Gene contemporâneo - gene como sequência de DNA correspondente a uma norma de reação única de produtos gênicos através de várias condições celulares	Originar mais de um produto, interrompido ou não, ainda atuando como unidade de transcrição.
	Gene processual – gene como todo o processo molecular subjacente à capacidade de expressar um produto particular	Atuar como processo recorrente que conduz a expressão regulada espacial e temporalmente de um produto particular
Outros	Outros conceitos	Agir como unidade de seleção etc.

Tabela 1. Modelos de função gênica e conceitos de gene utilizados nesse trabalho, como categorias para interpretação das declarações dos pesquisadores. Uma categoria adicional foi a de “percepção do problema”, sem formulação clara de qualquer conceito de gene ou ideia sobre função gênica. (Tabela elaborada pelos autores).

Desafios ao conceito de gene

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

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

Quanto ao aspecto funcional, podemos dizer que o conceito de gene também enfrenta problemas importantes. Um deles é o fenômeno da emenda alternativa, que consiste no processamento alternativo de regiões codificantes e não codificantes durante o processo de maturação do RNA, gerando mais de uma proteína a partir de uma única sequência de DNA e

tornando indefinido se uma região específica do DNA é exatamente um éxon ou um íntron. A consequência mais séria desse processo reside na quebra de uma correspondência direta entre sequências de nucleotídeos no DNA e sequências de aminoácidos nas proteínas (PABÓN, 2014, p. 204). O resultado final da emenda alternativa é a possibilidade de produção de proteínas distintas, que podem ter distintas funções, a partir de uma mesma região do DNA.

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

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

Diante dessas descobertas, a comunidade científica reagiu de diversas formas, sendo encontradas desde propostas de abandono do conceito (PORTIN, 1993; KELLER, 2000, 2009) até reações mais positivas, que defendem a manutenção do conceito de gene, embora ressignificado de maneira mais ou menos radical (EL-HANI, 2016) (KELLER, 2005)

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

De outra parte, certos campos, como a genômica comparada, são mais afetadas pelas dificuldades do gene molecular, a exemplo dos paradoxos enfrentados nas comparações entre números de genes encontrados em diferentes espécies (KELLER, 2005).

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

Diante das dificuldades do conceito de gene e de seu papel em discursos sociais de central importância no mundo contemporâneo, é importante investigar se que um maior conhecimento

sobre Genética, Biologia Molecular e Genômica, como se pode almejar na educação científica, implica uma visão mais crítica sobre o conceito de gene. O presente estudo busca testar essa hipótese, investigando se o reconhecimento das dificuldades dos conceitos mais aceitos e o conhecimento sobre interpretações alternativas sobre genes aumentam com o nível de formação de pesquisadores das áreas de Genética, Biologia Molecular e Genômica. Ele foi conduzido numa comunidade de pesquisa nessas áreas de uma universidade federal brasileira. Os membros da comunidade investigada incluíam estudantes de iniciação científica, pós-graduandos e pesquisadores atuantes (pós-doutorandos ou pesquisadores efetivos), permitindo o teste da hipótese proposta.

Métodos

Contexto do estudo

O objetivo desta pesquisa foi investigar a compreensão do conceito de gene e as ideias sobre função gênica de estudantes estagiários de laboratórios de Biologia Molecular e Genômica e de pesquisadores dessas áreas numa universidade federal brasileira. Foram selecionados três grupos para o estudo: (1) alunos da graduação de diferentes cursos (Ciências Biológicas, Veterinária, Farmácia, Biotecnologia, Licenciatura em Ciências Biológicas) envolvidos em projetos de iniciação científica relacionados à Genética, Biologia Molecular e/ou Genômica; (2) estudantes de pós-graduação (mestrado e doutorado) de diferentes programas (Genética e Biodiversidade e Ecologia e Biomonitoramento, no caso dos estudantes de Mestrado; e Botânica, Veterinária, Biologia Molecular, no caso dos alunos de doutorado) realizando projetos nessas áreas; e (3) pesquisadores em atuação nas áreas de Genética, Biologia Molecular e Genômica.

Coleta de dados

Entrevistas semiestruturadas foram usadas para a coleta de dados, visando identificar as concepções dos entrevistados sobre genes e suas ideias sobre função gênica. O roteiro de entrevista apresentou um total de 11 questões, mas não excluía falar de outros temas, já que este tipo de entrevista permite tal procedimento (LICHTMAN, 2010).

O roteiro da entrevista tinha uma primeira parte de questões pessoais do entrevistado, a qual, além de nós dar algumas informações sobre o entrevistado que podiam ser usadas no estudo, servia para ganhar confiança do entrevistado. A segunda parte consistia na entrevista propriamente dita, orientada por um roteiro de perguntas que visavam obter respostas do entrevistado sobre gene e função gênica. Por exemplo, uma pergunta do roteiro era: “Como você entende a relação entre genes e o DNA?”. Outro exemplo de pergunta é: “Quais as funções dos genes nas células?”. Em outras questões do roteiro, eram apresentadas aos entrevistados imagens sobre dois desafios ao conceito de gene, a emenda alternativa e os genes sobrepostos, sondando-se se o entrevistado entendia as implicações conceituais desses fenômenos e os desafios que representam. Também apresentado aos entrevistados alguns trechos de livros, com o intuito de levantar suas visões sobre genes e função gênica a partir de sua concordância ou discordância desses trechos. Por fim, algumas questões do roteiro requeriam apresentar aos entrevistados diversas afirmações sobre o que são os genes, diante das quais o entrevistado devia se pronunciar a respeito de sua maior ou menor concordância, sendo exigido inicialmente que escolhesse somente uma visão (escolha forçada), e posteriormente permitindo que escolhessem todas as afirmações com as quais concordava (escolha livre).

Análise dos dados

Os transcritos das entrevistas foram submetidos a análise categórica (BARDIN, 2000). Trechos selecionados das falas dos entrevistados, que tratavam de genes e/ou função gênica, foram analisados qualitativamente, com base na literatura científica, histórica e filosófica sobre conceitos de gene e ideias sobre função gênica, utilizando-se categorias apresentadas na Tabela 1, e, a partir das categorias identificadas, foi obtida a frequência de ocorrência de diversas concepções sobre genes e modelos de função gênica entre os entrevistados.

No caso das questões que apresentavam imagens relacionadas com desafios ao conceito molecular clássico, as seguintes categorias foram criadas: (a) reconhece a importância da **não** correspondência entre sequência gênica, produto gênico e função gênica, percebendo, portanto, os desafios ao conceito de gene; (b) reconhece a importância geral dos fenômenos apresentados, mas sem reconhecimento explícito sobre o desafio para o conceito molecular clássico; (c) **não** percebe dificuldades para o conceito molecular clássico nas imagens apresentadas, pelo fato de que considerar o conceito molecular clássico já superado¹; (d) **não** percebe dificuldades para o conceito molecular clássico, mantendo-se comprometido com ele; (e) respostas incompreensíveis, ausentes etc.

Avaliação de confiabilidade

A análise dos dados foi feita de maneira independente por dois pesquisadores (primeiro e segundo autores desse trabalho), para aumentar sua confiabilidade. A partir dos resultados da categorização, foi calculada a taxa de concordância Kappa-Cohen (k), que proporciona uma análise mais robusta de confiabilidade do que o simples cálculo da frequência de concordância (VIERA & GARRETT, 2004). No entanto, k é considerado, por alguns (KRIPPENDORF, 2004), inapropriado como medida de concordância entre pesquisadores. Assim, utilizamos também o índice de Krippendorff (α), para estimar a confiabilidade entre as respostas dos pesquisadores. O índice de α é considerado robusto e flexível, posto que pode ser utilizado entre múltiplos pesquisadores, resiste a lacuna nos dados e corrige para tamanho variável de amostra.

A taxa de concordância simples entre os avaliadores foi de 95,4%, correspondendo a um índice de concordância de Kappa (k) de 0,828 e a um índice de Krippendorff (α) de 0,903, o que pode ser considerado um ‘acordo quase perfeito’ das análises (VIERA & GARRETT, 2004), corroborando a validade interna dos dados.

Resultados e discussão

Quando se perguntou aos entrevistados “Como você entende a relação entre genes e DNA?” (Figura 1), as opiniões foram claramente distintas entre os estudantes de graduação e de pós-graduação, e entre ambos e os pesquisadores atuantes. A maior parte das respostas dos estudantes de graduação se inclinou para a concepção informacional e para o conceito molecular clássico (26,31% e 21% das respostas, respectivamente), enquanto a maioria dos estudantes de pós-graduação (40%) forneceu respostas próximas a este último conceito. Por sua vez, 50% das respostas dos pesquisadores apontaram para o conceito de gene contemporâneo.

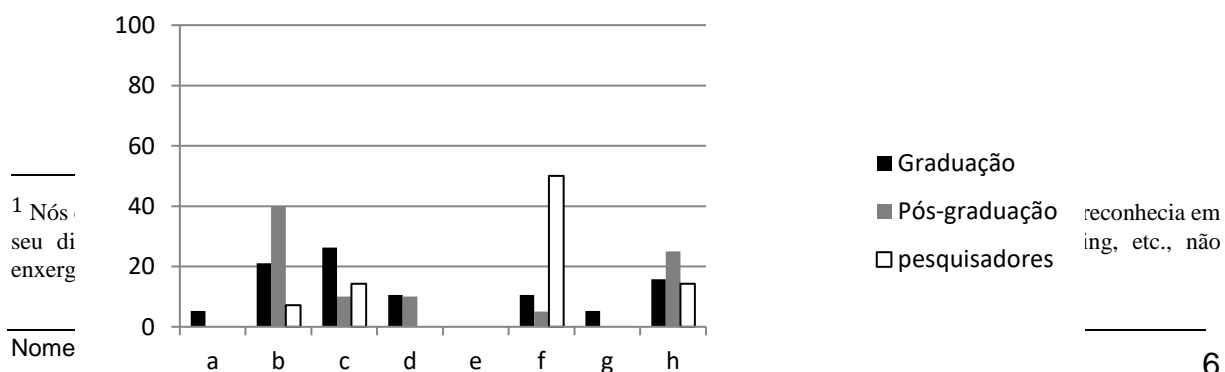


Figura 1. Respostas de estudantes de graduação, pós-graduação e pesquisadores à pergunta “Qual é a relação entre genes e DNA”. a) Mendeliano; b) Molecular clássico, c) Informacional, d) Gene-P, e) Gene-D, f) Contemporâneo, g) Processual, h) Percepção do problema do gene.

A categoria “percepção do problema”, sem apresentação de um conceito claro de gene, apareceu nos estudantes numa porcentagem de 15,78% e 25% na graduação e pós-graduação, respectivamente, enquanto nos pesquisadores apareceu numa porcentagem de 14,28%.

As demais categorias apareceram com frequência menor: por exemplo, “gene-P” apareceu em 10,52% e 10% das respostas dos estudantes de graduação e pós-graduação, respectivamente, enquanto, entre os pesquisadores entrevistados, esse conceito esteve ausente. “Gene-D” não apareceu em nenhuma das respostas dos entrevistados, o que é esperado, dado que é um modo de entender os genes que tem pouca circulação na comunidade científica.

A prevalência da concepção informacional do gene nos estudantes de graduação é problemática, posto que este não é um conceito claramente definido nas ciências biológicas (GRIFFITHS 2001, 2006; EL-HANI et. al. 2006, 2014) e sua interpretação pode carregar visões deterministas sobre a função dos genes (OYAMA, 2000), como as de programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento (EVANGELISTA, 2016). Uma possível causa deste resultado reside na alta prevalência desta concepção nos livros didáticos de ensino médio (SANTOS & EL-HANI, 2009), com os quais os estudantes de graduação trabalharam há relativamente pouco tempo.

É importante ter clareza de que a alta frequência do conceito molecular clássico de gene entre os estudantes não é um problema em si, caso se tenha clareza de que ele pode constituir uma forma de aproximação inicial à definição de gene. Além de ser válido no caso de muitos genes de procariotos ou mesmo de alguns eucariotos, o uso desse conceito pode ser justificado quando se está propiciando aos alunos uma visão introdutória da biologia celular e molecular. No entanto, espera-se que ocorra uma progressão de aprendizagem a partir dele (EVANGELISTA, 2016), principalmente no decorrer da graduação e na pós-graduação. A alta prevalência desse conceito entre pós-graduandos sugere que tal progressão de aprendizagem não está ocorrendo da forma devida. Isso pode levar a efeitos indesejados, como, por exemplo, a promoção e/ou fortalecimento de uma visão gene-cêntrica e determinista, ou de uma compreensão simplista e equivocada dos sistemas genéticos.

Quando foram mostradas aos entrevistados ilustrações sobre a emenda alternativa e foi-lhes perguntado acerca de sua percepção de possíveis desafios que esse fenômeno apresenta para a compreensão do gene (Figura 2), 31,5% dos estudantes de graduação enxergaram as dificuldades impostas por esse fenômeno ao conceito molecular clássico, contrariamente aos estudantes de pós-graduação, que apenas perceberam esse desafio em 10% das respostas. Por sua vez, a maioria dos pesquisadores (57%) reconheceu a emenda alternativa como um desafio ao conceito molecular clássico.

Neste ponto, tivemos um achado interessante: uma parte dos estudantes de pós-graduação (25%) tinha incorporado no seu discurso sobre genes os fenômenos da emenda, como processos genéticos normais, por essa razão não foram capazes de enxergar desafios ao conceito de gene

quando perguntado. Consideramos que é necessário mais trabalhos para investigar essa hipótese.

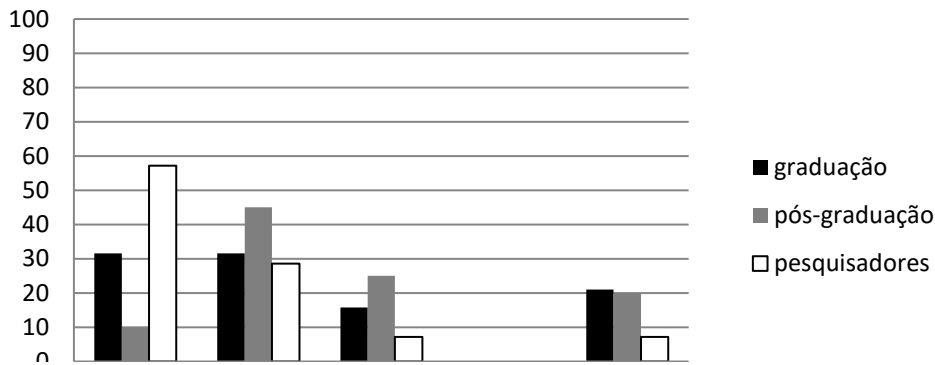


Figura 2. a) Sim, o fenômeno tem consequências para o conceito de gene, e a justificativa se baseia na ausência de uma correspondência de 1:1:1 entre gene, produto gênico e função gênica; b) Sim, o fenômeno tem consequências para o conceito de gene, e a justificativa se baseia apenas na explicação do fenômeno; c) Não, não tem consequências porque o conceito já foi superado; d) Não, o fenômeno não tem consequências, mantendo-se o conceito molecular clássico; e) Incompreensível, não responde ou não sabe.

Quando os entrevistados foram chamados a avaliar, em escolha forçada, diversas alternativas referentes a diferentes conceitos de gene (Figura 3), as respostas mais frequentes em cada um dos grupos foram as seguintes: entre os estudantes de graduação, 36,84% optaram por alternativas relativas à concepção informacional; 26,3%, por alternativas concernentes ao conceito molecular clássico; 10,52%, ao conceito mendeliano, 15,7%, ao gene-D; e 10,52%, ao conceito processual de gene. Entre os estudantes de pós-graduação, 40% optaram por respostas alinhadas com o conceito molecular clássico, 25%, ao gene-D, 20%, ao conceito molecular processual, 20% e 15,7%, a duas alternativas relativas à concepção informacional. Por fim, 28,5% dos pesquisadores optaram por alternativas alinhadas com o conceito molecular clássico, o gene-D e o conceito molecular processual, e 14,28%, por alternativas que se referiam à concepção informacional.

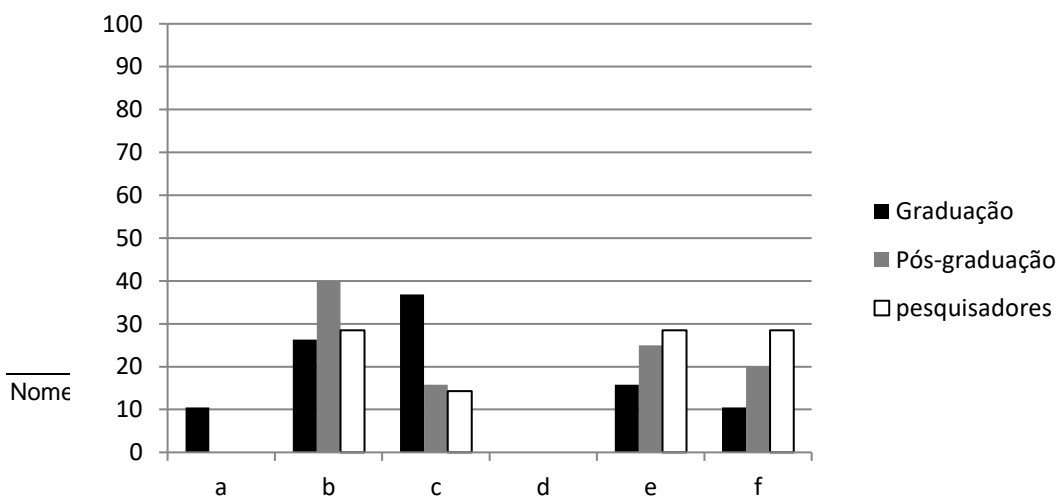


Figura 3. Escolha forçada dos entrevistados sobre diversos conceitos de gene. a) Mendeliano b) Molecular clássico c) Informacional d) Gene-P e) Gene-D f) Processual.

A Figura 4 mostra os resultados relacionados à pergunta sobre “Quais as funções dos genes nas células?”. 63,15% das respostas dos estudantes de graduação e 65% das respostas dos estudantes de pós-graduação foram classificadas na categoria “Codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs”, enquanto 57,89% e 40%, respectivamente, se enquadraram na categoria “Programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento”. No caso dos pesquisadores, 78,57% das respostas foram situadas na categoria “codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs”, 35,71%, em “programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento”, 28,57%, em “transmitir caracteres hereditários”, e 28,57%, em “Controlar metabolismo celular”.

Mais uma vez, as respostas dos estudantes de graduação se mostraram mais influenciadas pelas concepções informacionais.

As respostas dos alunos sobre as funções dos genes nas células são consistentes com a hipótese de que pesquisadores em Genética, Biologia Molecular e Genômica têm visões mais críticas sobre o conceito de gene, reconhecendo dificuldades de ideias usualmente aceitas e conhecendo interpretações alternativas, à medida que progredem no seu conhecimento sobre genética.

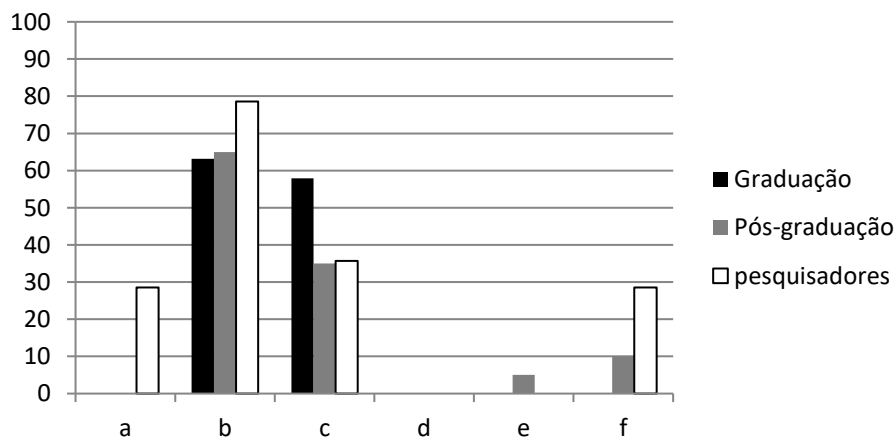


Figura 4. Ideias sobre funções do gene entre os entrevistados: (a) Transmitir caracteres hereditários; (b) Codificar estrutura primária de polipeptídios ou RNAs; (c) Programar ou instruir a função celular ou o desenvolvimento; (d) Causar ou determinar fenótipo ou diferença fenotípica; (e) Propiciar recurso para o desenvolvimento; (f) Controlar metabolismo celular; (g) Servir como unidade de seleção; (h) Outros.

Conclusões

Os resultados obtidos nesse trabalho apontam para a influência do nível de formação profissional sobre a percepção dos desafios ao conceito de gene. Enquanto os pesquisadores apresentam uma visão, em geral, mais sofisticada do conceito e dos desafios por ele enfrentados, os alunos de graduação estão comprometidos com conceitos amplamente difundidos na mídia e nos livros didáticos utilizados durante o ensino médio, com prevalência da concepção informacional e do conceito molecular clássico.

Em linha com outros estudos, (MEYER, BOMFIM & EL-HANI, 2013), (JOAQUIM, 2009) os dados aqui apresentados sugerem a necessidade de inclusão, no ensino sobre genes e função gênica nas disciplinas de Genética e Biologia Molecular, debates recentes sobre o conceito de gene, assim como avanços em sua compreensão. O ensino a esse respeito pode beneficiar-se da introdução de abordagens históricas e filosóficas da ciência, por exemplo, que incorporem um ensino *sobre e com* modelos e discutam as relações complexas entre modelos e realidade, e seus contextos históricos de construção e aplicação. É interessante perceber que, segundo vários pesquisadores entrevistados, a causa principal da ausência dessas discussões no ensino é a falta de tempo em sala de aula para introduzir propostas de ensino que favoreçam o entendimento dos alunos de diferentes modelos de função gênica e conceitos de gene, considerando-se seus domínios de aplicação e seus limites.

Os dados aqui apresentados limitam-se, no entanto, a apenas uma comunidade de pesquisadores de uma Universidade Federal brasileira. O estudo de outras comunidades de pesquisadores e estudantes em outros contextos ou em outras instituições se faz necessário, para que possamos construir um entendimento mais amplo da relação entre os conhecimentos dos pesquisadores e alunos a respeito dos conceitos de gene e função gênica e a percepção dos desafios por eles enfrentados.

Referências

- BOGDAN, R. BIKLEN, S. (1994). *Investigação Qualitativa em Educação, uma introdução à Teoria e aos Métodos*. Portugal: Porto Editora.
- BOGDAN, R.; BIKLEN, S. (1994). *Investigação Qualitativa em Educação, uma introdução à Teoria e aos Métodos*. Portugal: Porto Editora.
- EL-HANI. (2014). O gene na virada do século XX para o XXI. In: C. E.-H. Olival Freire Junior, *Ciência na Transição dos Séculos, Práticas e Historicidade*. (pp. 57-104). SALVADOR: UFBA.

- EL-HANI. (2016). *Repensando o gene na era pós -genômica*. São Paulo: tese para progressão ao professor titular UFBA.
- EL-HANI, C. N. (2007). Between the cross and the sword: The crisis of the gene concept. *Genetics and Molecular Biology*, 297-307.
- EVANGELISTA, N. A. (2016). *O Conceito de Gene em Livros Didáticos de Biologia Celular e Molecular do Ensino Superior*. Salvador, BA: Programa de Pós-Graduação em Ensino, Filosofia e História das Ciências, UFBA/UEFS, Dissertação de mestrado.
- FALK, R. (1986). What is a gene? *Studies in the History and Philosophy of Science*, 133-173.
- FOGLE, T. (1990). Are genes units of inheritance? *Biology and Philosophy*, 349-371.
- GELINAS & ROBERTS. (1977). One Predominant 5'-Undecanucleotide in Adenovirus 2 Late Messenger RNAs. *MIT*, 533-544,.
- GERICKE, N., HAGBERG, M. (2007a). Definiton of Historical Models of Gene Function and their Relation to Students' Understandings of Genetics. *Science & Education*, 849-881.
- GERICKE, N.; HAGBERG, M.; SANTOS, V. C.; JOAQUIM, L. M. & EL-HANI, C. N. (2014). Conceptual variation or Incoherence? Textbook discourse on genes in six countries. *science & education*, 23:381-416.
- GILBERT, W. (1978). Why genes in pieces? *Nature* , 271-501.
- GRIFFITHS, P.E. & NEUMANN-HELD, E. (1999.). The many faces of the gene. *BioScience*, 656-62.
- JOAQUIM L., EL-HANI, Ch. (2010). A genética em transformação: crise e revisão do conceito de gene. *Sci Stud*, 8, 93-128.
- JOAQUIM, L. M. (2009). *GENES: QUESTÕES EPISTEMOLÓGICAS, CONCEITOS RELACIONADOS E VISÕES DE ESTUDANTES DE GRADUAÇÃO*. Salvador, BA: universidade Federal da Bahia, dissertação de Mestrado.
- KAMPOURAKIS, K. (2013). *The Philosophy of Biology, A Companion for Educators*. Vari Attikis, Greece: Springer.
- KELLER, E. (2002). *The Century of Gene*. Massachusetts, London England: Harvard University Press.
- kELLER, E. F. (2005). The century beyond the gene. *Journal of Biosciences*, 30:3-10.
- KRIPPENDORFF, K. (2004). *Content Analysis An Introduction to Its Methodology*. California: Sage Publications.
- LEITE, M. (2006). *PROMESSAS DO GENOMA*. SÃO PAULO: UNESP.
- LEWONTIN, R. (1993). *Biology as ideology The doctrine of DNA*. London: Penguin Books Ltd.
- LICHTMAN, M. (2010). *Qualitative Research in Education: A user's Guide*. Thousand Oaks: Sage.
- MEYER, L. M. N., BOMFIM, G. C. & EL-HANI, C. N. (2013). How to understand the gene in the 21st century. *Science & Education*, 22: 345-374.
- MEYER, N. LIA & EL-HANI, CHARBEL. (2010). COMO ENSINAR A ESTUDANTES UNIVERSITÁRIOS DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS E DE CIÊNCIAS DA SAÚDE SOBRE A CRISE DO CONCEITO DE GENE? *Subsometida Science & Education*.
- MOSS, L. (2001). Deconstructing the Gene and Reconstructing Molecular Developmental Systems. *Cambridge, MA: MIT Press*, 85-97.
- NEUMANN-HELD, E. (1999). The Gene is Dead - Long Live the Gene: Conceptualizing Genes the Constructionist Way. In: P. Koslowski, *Studies in Economic Ethics and Philosophy* (pp. 105-137). Berlin: Springer.

- NEUMANN-HELD, E. (2001). Let's talk about genes: The process molecular gene concept and its context. *Cycles of contingency: Developmental systems and evolution*, 69–84.
- OLIVEIRA & PACHECO. (2012). MicroRNAs: current perspectives of gene expression. *Biosaúde*, 81-93.
- OYAMA, S. (2000). *The Ontogeny of Information Developmental Systems and Evolution*. Cambridge:: Duke University Press.
- PABÓN, J. R. (2014). *LA RELACIÓN ENTRE EL REDUCCIONISMO Y LA BIOLOGÍA: ANÁLISIS FILOSÓFICO EN EL CONTEXTO DE LA GENÉTICA, LA EVOLUCION Y EL DESARROLLO*. Sant Celoni.
- PAN, Q., SHAI, O., LEE, L. J., FREY, B. J. & BLENCOWE, B. J. (2008). Deep surveying of alternative splicing complexity in the human transcriptome by high-throughput sequencing. *Nature Genetics*, 1413-1415.
- PORTIN, P. (1993). The concept of gene: Short history and present status. *Quarterly Review of Biology*, 173-223.
- SANTOS & EL-HANI. (Junho de 2009). Ideias sobre genes em livros didáticos de biologia do ensino médio publicados no Brasil. *Revista Brasileira de Pesquisa em Educação em Ciências*, 9.
- SANTOS, et al. (2012). Hybrid Deterministic Views About Genes in Biology Textbooks: A Key Problem in Genetics Teaching. *science & education*, 543–578.
- SANTOS; JOAQUIM; EL-HANI. (2012). Hybrid Deterministic Views About Genes in Biology Textbooks: A Key Problem in Genetics Teaching. *Springer Science Business Media*.
- SCHWARTZ, J. (2008). *In pursuit of the gene: From Darwin to DNA*. Cambridge: Harvard University Press.
- WANG, W., ZHANG, J., ALVAREZ, C., LLOPART, A. & LONG, M. (2008). Alternative isoform regulation in human tissue transcriptomes. *Nature*, 470-476.