

Conceitos de Gene e Idéias Sobre Função Gênica em Livros Didáticos de Biologia Celular e Molecular do Ensino Superior

Maiana Albuquerque Pitombo¹

Ana Maria Rocha de Almeida²

Charbel Niño El-Hani³

Resumo

Embora seja um marco da Biologia do século 20, nossa compreensão típica dos conceitos de gene e de função gênica foi desafiada por uma série de descobertas. Debates recentes sobre o conceito de gene e função gênica têm implicações importantes para o ensino de Biologia e, portanto, torna-se necessário investigar se e como tais assuntos vêm sendo abordados neste contexto. Neste texto apresentamos resultados sobre a forma como genes e a função gênica são tratados em livros didáticos de Biologia Celular e Molecular do ensino superior. Nossos resultados mostram que, apesar dos achados que desafiam idéias tradicionais sobre gene e função gênica, estas continuam a ser amplamente utilizadas em livros didáticos.

Palavras-chave: Gene. Ensino de Biologia. Livros didáticos do Ensino Superior.

¹ Graduanda do curso de Ciências Biológicas da Universidade Federal da Bahia (UFBA) e membro Grupo de Pesquisa em História, Filosofia e Ensino de Ciências Biológicas (UFBA). maianapit@gmail.com

² Mestre em Ensino, Filosofia e História das Ciências (Universidade Federal da Bahia/ Universidade Estadual de Feira de Santana). Professora do Departamento de Biologia Geral da UFBA e pesquisadora da Fundação de Apoio à Pesquisa do Estado da Bahia (Fapesb). anagai vota@gmail.com

³ Professor-adjunto do Departamento de Biologia Geral, Instituto de Biologia, Universidade Federal da Bahia. Doutor em Educação pela USP (2000). Fez Pós-Doutorado no Centro de Filosofia da Natureza e Estudos da Ciência, no Instituto Niels Bohr, Faculdade de Ciências, Universidade de Copenhague, Dinamarca, de 2003 a 2004. charbel.elhani@pesquisador.cnpq.br

GENE CONCEPTS AND IDEAS ABOUT GENE FUNCTION IN HIGHER EDUCATION CELL AND MOLECULAR BIOLOGY TEXTBOOKS

Abstract

Despite being a landmark of 20th century biology, our usual understanding of the gene concept has been recently challenged by a series of findings. The debates about the gene concept have important implications for biology teaching, and, thus, it is important to assess whether and how they are addressed in this context. Here, we present the results of an investigation about the treatment of genes in higher education cell & molecular biology textbooks. Our results show that, despite the several findings challenging time-honored ideas about genes, they continue to be widely used in textbooks. Textbooks also harbor a proliferation of meanings about genes that may make the concept look vague and confused, and even lead to misconceptions.

Keywords: Gene. Biology teaching. Higher Education textbooks.

O termo “gene” foi criado pelo geneticista dinamarquês Wilhelm L. Johannsen em 1909 e foi certamente um marco na história da Biologia do século 20. Snustad *et al* (2005, p. 381) afirmam que “o gene é para o geneticista o que o átomo é para a Química” (ver também Keller, 2000, 2005). De fato, poucos discordariam de que o gene era – e ainda é – o tema central unificador da genética, a despeito do fato de ser, no presente, um “conceito em tensão” (Falk, 2000) ou “com problemas” (Keller, 2000). Esta situação resulta de uma série de descobertas das últimas três décadas que trouxeram desafios importantes para a nossa compreensão usual do conceito de gene, bem como da função gênica, a exemplo dos genes interrompidos, da emenda ou *splicing* alternativo, da sobreposição de genes e dos genes aninhados (*nested genes*), da edição de RNAm, dos modos alternativos de tradução, etc. (ver, por exemplo, Fogle, 1990, 2000; Falk, 1986, 2000; Pardini; Guimarães, 1992; Griffiths; Neumann-Held, 1999; Keller, 2000; Moss, 2001, 2003; El-Hani et al, 2006; Neumann-Held; Sutter, 2006; El-Hani, 2007).

O modo típico de compreender os genes e sua função na genética e Biologia Celular e Molecular da segunda metade do século 20 é chamado na literatura filosófica de “conceito molecular clássico de gene”. Nesses termos, um gene é um segmento de DNA que codifica um produto funcional, que pode ser tanto um polipeptídeo quanto uma molécula de RNA. Este conceito exerceu forte influência sobre o pensamento biológico, reforçando uma compreensão que remonta a uma época anterior à proposição do próprio termo “gene”, mas marcou a história da genética desde seus primórdios, a saber, a do gene como uma unidade ininterrupta no material genético, com um começo e um fim claramente definidos, que executaria uma única função. As descobertas mencionadas anteriormente, contudo, mostraram que o conceito molecular clássico é insuficiente para dar conta da complexidade da estrutura e dinâmica dos genomas. Os problemas enfrentados por este conceito podem ser explicados por meio de três situações bem estabelecidas pela genética e pela Biologia Molecular: (i) situações em que um único segmento de DNA corresponde a muitos RNAs/polipeptídeos, como no caso do *splicing* alternativo de RNA; (ii) situações em que muitos segmentos de DNA correspondem a um

único RNA/polipeptídeo, como no caso dos rearranjos genômicos no sistema imune envolvidos na geração da diversidade de anticorpos; e (iii) ausência de correspondência entre segmentos de DNA e RNAs/polipeptídeos, como no caso da edição de RNAm (El-Hani, 2007). Como exemplos dos desafios a este conceito examinaremos aqui os genes interrompidos e o *splicing* alternativo.

O conceito molecular clássico atribui fronteiras claras aos genes, com base na relação entre uma unidade de transcrição e as seqüências necessárias para a síntese de um polipeptídeo (ou RNA). Os genes interrompidos e o *splicing* alternativo criam dificuldades consideráveis para a idéia de que um gene poderia ser uma unidade estrutural e funcional tão bem demarcada no genoma. Genes interrompidos contêm tanto regiões codificantes – éxons – quanto regiões não-codificantes – íntrons. Os íntrons são excisados durante o *splicing* do RNA, enquanto os éxons são combinados para formar um RNAm maduro, funcional. Neste caso, as seqüências transcritas no RNA não são as mesmas mais tarde traduzidas nas proteínas, impondo, assim, um primeiro problema para o conceito molecular clássico, que se apóia na unidade de transcrição para demarcar o que é um gene. Uma proteína codificada por uma molécula de RNAm sujeita a *splicing* existe apenas potencialmente como uma entidade cromossômica (Keller, 2005). A situação se torna ainda mais complexa quando consideramos o *splicing* alternativo de RNA e, conseqüentemente, a diversidade de padrões de *splicing* para um mesmo transcrito primário.

A maioria dos genes de eucariotos contém íntrons múltiplos e sua presença permite a expressão de múltiplas proteínas relacionadas entre si (isoformas) a partir de um único trecho de DNA por meio de *splicing* alternativo (por exemplo, Black, 2003). Este fenômeno faz a idéia de genes como unidades (sejam estruturais, funcionais ou informacionais) parecer muito desajeitada. O *splicing* alternativo de RNA requer que concepções de “gene” ultrapassem o esquema simples capturado em fórmulas tais como “um gene-uma proteína ou polipeptídeo”. Este desafio poderia ser acomodado, em princípio, pela simples substituição desta fórmula por uma nova, tal como “um gene-muitas proteínas ou polipeptídeos”. A situação, porém, não é assim tão simples. Em pri-

meiro lugar, posto que genes “não escolhem” de maneira autônoma padrões de *splicing*, eles perderiam uma parte substancial de sua especificidade, relativamente aos polipeptídeos que serão sintetizados. Padrões de *splicing* estão sujeitos a uma dinâmica regulatória complexa, que pode, no fim das contas, até mesmo envolver a célula como um todo (Keller, 2000). Em segundo lugar, como o segmento de DNA que é transcrito como uma unidade numa molécula de RNA é então traduzido em diversos polipeptídeos distintos, é impossível evitar a pergunta “Qual segmento corresponde, afinal, ao gene?”. Por um lado, a unidade transcrita em um único RNA poderia contar como um “gene”, isto é, poderíamos chamar de “gene” àquele segmento de DNA que pode gerar dúzias de proteínas diferentes; por outro lado, um “gene” poderia ser aquela unidade que é traduzida em um polipeptídeo específico, isto é, poderíamos chamar de “gene” cada RNAm maduro, que já sofreu *splicing*, assumindo uma relação “um RNAm maduro – uma proteína ou polipeptídeo”. Tratar o RNAm maduro como o gene, contudo, traz também uma série de conseqüências contra-intuitivas. Isso significaria, por exemplo, que genes existem no zigoto somente como possibilidades e não apresentam a permanência e estabilidade tipicamente atribuídas ao material genético. Além disso, os genes não seriam encontrados nos cromossomos e, por vezes, nem mesmo no núcleo (Keller, 2000). É claro que poderíamos propor a eliminação das idéias de estabilidade e permanência, ou de existência nos cromossomos ou no núcleo, do conceito de gene. Um conceito de gene assim redefinido, entretanto, poderia cumprir os papéis explicativos que lhe cabem na genética e Biologia Celular e Molecular? Apenas para ilustrar as dificuldades que se originariam de tal redefinição, como poderíamos pensar nos genes como entidades que medeiam a herança de características de uma geração a outra se eles não possuísem suficiente estabilidade e permanência, e existissem no zigoto apenas como possibilidades? Tor-na-se óbvio então que a tentativa de manter o conceito de gene como unidade poderia terminar, assim, tendo um preço alto demais, afastando nossa compreensão dos genes dos requisitos explicativos que nos fizeram construir tal conceito, em primeiro lugar, como um meio de entender a estabilidade das características dos organismos de uma geração a outra.

Estes são apenas alguns exemplos dos diversos desafios ao conceito molecular clássico de gene que poderíamos discutir aqui, mas acreditamos que são suficientes para ilustrar as dificuldades que este conceito enfrenta atualmente.

Desde Watson e Crick (1953) o gene tem sido tratado simultaneamente como matéria física e informação, uma substância química e um programa que governa a vida. Esta idéia, no entanto, nada tem de trivial. A incorporação de um vocabulário informacional na Biologia Molecular e na genética, desde a década de 50 (Kay, 2000), resultou no chamado “discurso da informação” (*information-talk*), caracterizado pelo emprego de termos tais como “informação genética”, “código genético”, “mensagem genética”, “sinalização”, etc. Estes termos, no entanto, podem ser considerados, no presente, nada mais que metáforas à espera de uma teoria (Griffiths, 2001; El-Hani et al, 2006) que lhes possa conferir significado mais preciso. Apesar de “informação genética” não ser, nesses termos, um conceito claro na estrutura da Biologia, mas uma metáfora que demanda formulação adequada no contexto de uma teoria da informação biológica ainda por ser desenvolvida, os genes são frequentemente tratados como unidades informacionais, o que leva à ‘concepção informacional do gene’ (Stotz et al, 2004).

A tentativa de preservar a idéia de genes como unidades de estrutura e/ou função (ou, ainda, informação), apesar dos inúmeros desafios com que ela se confronta, conduziu a uma proliferação de significados do termo “gene”, que se tornou, por sua vez, uma parte substancial da crise desse conceito. O fato de que o termo “gene” tem vários significados não é, em si, o problema, dado que muitos termos científicos são polissêmicos e tal fato nem sempre implica confusão semântica. O problema reside, antes, em que os diversos significados de “gene” e seus contextos de aplicação não são clara e suficientemente demarcados, tornando muito provável que ambigüidade e confusão semântica decorram da polissemia do termo. Sintomaticamente, é agora clara para muitos filósofos e cientistas a necessidade de uma análise cuidadosa e até mesmo uma reformulação deste conceito central no pensamento biológico

(e.g., Fogle, 1990, 2000; Falk, 1986, 2000; Pardini; Guimarães, 1992; Griffiths; Neumann-Held, 1999; Keller, 2000; Moss, 2001, 2003; El-Hani et al, 2006; Pearson, 2006; Neumann-Held; Sutter, 2006; El-Hani, 2007). Não se trata de que devamos necessariamente buscar um conceito único de gene, que teria de dar conta do objetivo dificilmente alcançável de abarcar a grande diversidade de significados do termo na literatura científica. Um conceito de gene não precisa ser completamente geral e inclusivo para servir aos propósitos práticos da pesquisa genética e uma diversidade de concepções sobre genes pode apresentar, no fim das contas, maior poder explicativo e heurístico. Trata-se apenas de que o significado e o domínio de aplicação de cada conceito de gene precisam ser cuidadosamente delimitados pela comunidade científica (El-Hani, 2007).

Numa tentativa de organizar a variedade de conceitos de gene e, ao mesmo tempo, analisar criticamente uma das fontes do determinismo genético, Moss (2001, 2003) propôs uma distinção entre gene-P (o gene como determinante de fenótipos ou diferenças fenotípicas, sem quaisquer requisitos quanto a seqüências moleculares específicas ou à Biologia envolvida na produção do fenótipo) e gene-D (o gene como um recurso desenvolvimental que é, em si mesmo, indeterminado com relação ao fenótipo). Ele argumenta que genes podem ser concebidos com proveito dessas duas formas distintas, mas a combinação dessas idéias é problemática, posto que conduz ao determinismo genético. O gene-P, por um lado, é a "... expressão de um tipo de preformacionismo instrumental" (Moss, 2001, p. 87), mostrando-se útil em virtude do valor epistêmico de seu poder preditivo e do seu papel em alguns jogos explanatórios da genética e da Biologia Molecular, como aqueles envolvidos na análise de heredogramas. Por outro lado, o gene-D participa de jogos explanatórios completamente distintos, tais como aqueles envolvidos na análise das correspondências entre seqüências de DNA e produtos polipeptídicos.

Na Biologia evolutiva encontramos mais um conceito influente, a despeito de uma série de críticas levantadas contra ele (Griffiths; Neumann-Held, 1999; Sterelny; Griffiths, 1999), o "gene evolutivo". Este conceito foi intro-

duzido por Williams (1966) e elaborado por Dawkins (1982), que o definiu como sendo “qualquer trecho de DNA, começando e terminando em pontos arbitrariamente escolhidos no cromossomo”, que compete “... com trechos alelomórficos pela região cromossômica em questão” (Dawkins, 1982, p. 87).

O conceito molecular clássico mostra claramente que genes têm sido tipicamente tratados como unidades, de fato “...as unidades básicas (os átomos) da vida” (Keller, 2005, p.101). Apesar da imensa gama de problemas enfrentados por este tratamento (Fogle, 1990, 2000), a idéia do gene como uma unidade básica de estrutura e função encontra-se ainda profundamente arraigada na comunidade científica. Idéias sobre genes, no entanto, certamente extrapolam o discurso científico, ganhando importância cada vez maior em outros contextos, como a mídia e a opinião pública. Um discurso a respeito dos genes marcado por visões simplistas e freqüentemente deterministas da natureza dos genes e das relações genótipo-fenótipo (que Keller (2000) denomina *gene talk*) se faz bastante presente em nossa sociedade, estando geralmente desacompanhado de análises mais críticas. Não se trata, contudo, de uma situação na qual a responsabilidade possa recair apenas sobre jornalistas e divulgadores científicos (ver Leite, 2006). A comunidade científica tem certamente sua parcela de responsabilidade e o compromisso com a idéia de que genes seriam unidades bem demarcadas no genoma é parte das razões pelas quais os cientistas têm contribuído para a proliferação de visões deterministas e distanciadadas da complexidade dos genomas e, em termos mais gerais, dos sistemas vivos.

Os debates atuais sobre o conceito de gene e a compreensão da função gênica têm implicações importantes para o ensino de Biologia, tanto no Ensino Médio quanto no Superior. Na sala de aula de Ciências, o que devemos ensinar a respeito dos genes? Quais as conseqüências da crise do conceito de gene para o ensino de Biologia? Qual a natureza da relação entre o modo como genes são abordados em livros didáticos e as visões simplistas encontradas na mídia e na opinião pública? É fundamental investigar o modo como genes são tratados em livros didáticos do Ensino Superior, que condicionam fortemente a formação de cientistas e professores de Ciências, e, assim, têm um

papel na constituição dos discursos sobre genes que encontramos na comunidade científica, no conhecimento científico escolar e na sociedade em geral. Como um primeiro passo em nossas pesquisas a respeito desse tema, investigamos como idéias sobre genes são abordadas em livros didáticos de Biologia Celular e Molecular do Ensino Superior. Apesar da importância dos livros didáticos na formação de futuros cientistas e professores de Ciências, uma busca no banco de dados Eric (<http://www.eric.ed.gov>), um dos maiores recursos para busca de referências na área de educação, mostrou apenas um artigo relatando resultados de um estudo sobre livros didáticos de genética (Mertens; Polk, 1980). Apesar de interessante, este estudo trata de livros didáticos que não são mais utilizados ou de edições bastante antigas de materiais ainda em uso. Este fato serviu de estímulo adicional para levarmos a cabo uma análise do tratamento dos conceitos de gene e das idéias sobre função gênica em livros didáticos do ensino superior. Neste artigo apresentamos os resultados da análise de três livros didáticos de Biologia Celular e Molecular muito utilizados em cursos de ensino superior de todo o mundo.

Métodos

Para obter uma amostra representativa de livros didáticos de Biologia Celular e Molecular adotados no Ensino Superior, examinamos as listas de leituras recomendadas em 80 programas de cursos de Biologia Celular e Molecular em 67 universidades dos cinco continentes, amostrados aleatoriamente entre os resultados de uma busca no Google. A extensão dessa busca foi fundamental para ampliar a validade externa de nossa investigação, tornando possível afirmarmos que nossos resultados representam de modo adequado a realidade dos livros didáticos de Biologia Celular e Molecular atualmente disponíveis.

Numa primeira etapa, cujos resultados relatamos no presente artigo, analisamos três dos cinco livros mais usados identificados nessa busca (Alberts et al, 2002; Lodish et al, 2003; Karp, 2004). Lodish et al (2003) e Alberts

et al (2002) foram, respectivamente, o primeiro e o segundo livros didáticos de Biologia Celular e Molecular mais utilizados. Identificamos 33 ocorrências do primeiro e 28 do segundo livro nos programas examinados, o que os torna de longe os livros mais usados em cursos desta área em todo o universo amostral investigado. Karp (2004), por sua vez, foi encontrado em cinco dos programas examinados. Os outros livros foram Weaver (2005) e Becker (2002), ambos encontrados em sete programas. Entre os livros mais usados, não incluímos *Genes VIII*, de Lewin, que foi encontrado em treze programas de Biologia Celular e Molecular, mas já fora incluído numa análise de livros de genética realizada em outro projeto de nosso grupo, por ter sido o segundo livro mais presente em programas de cursos daquela área. Além disso, *Cell and Molecular Biology*, de De Robertis e De Robertis, foi encontrado em onze programas de cursos de Biologia Celular e Molecular brasileiros, em tradução para o português do final da década de 80, motivo pelo qual decidimos não incluí-lo nesta análise, uma vez que poderia não refletir a situação atual do tratamento dos conceitos de gene e das idéias sobre função gênica nos materiais didáticos. Por fim, *Essential Cell Biology*, de Alberts *et al.*, é uma versão sintética do segundo livro mais utilizado e, embora tenha sido encontrado em 10 programas, não o incluímos na análise para evitar uma duplicação dos resultados.

Para gerar os dados brutos, a partir de uma análise cuidadosa dos livros, adotamos um protocolo elaborado previamente, cuja construção foi baseada no conhecimento acumulado em nosso grupo acerca da literatura científica e filosófica sobre conceitos de genes e idéias sobre função gênica. A validade desse protocolo foi sustentada em testes piloto conduzidos antes da coleta de dados propriamente dita. Idéias sobre genes e função gênica foram analisadas em todos os capítulos que faziam referência explícita a elas, com base em técnicas de análise de conteúdo (Bardin, 2000). Em particular, utilizamos análise categórica, na qual trechos relevantes dos textos são selecionados e classificados de acordo com categorias construídas pelos pesquisadores. Os trechos selecionados foram analisados tanto qualitativamente, com base na literatura científica, histórica e filosófica sobre conceitos de gene e idéias

sobre função gênica, quanto quantitativamente, por meio da categorização e contagem das passagens extraídas, de acordo com a frequência de ocorrência de concepções significativas (isto é, categorias, ver Bardin, 2000). Nós também analisamos os contextos nos quais diferentes idéias sobre genes e função gênica foram encontradas. Tendo em vista estudos anteriores, que indicaram haver variação na compreensão dos genes nas diversas áreas que compõem a genética e a Biologia Celular e Molecular (Stotz et al, 2004), demos particular atenção a contextos relacionados a estas diferentes áreas. A partir de nossa experiência prévia com os livros didáticos, identificamos os seguintes contextos para análise: Genética clássica; Genética do Desenvolvimento; Genética evolutiva/Genética de populações; Genética de microorganismos; Genética de eucariotos; Genética médica; Biologia Molecular/Genética Molecular; Biologia Celular; Bioquímica; Sinalização celular; Engenharia Genética; Genômica; Introdução; Glossário e Seções sobre história da Ciência.

Para aumentar a validade e fidedignidade interna das análises realizadas, visando a contribuir para uma maior confiabilidade dos construtos que criamos para representar a diversidade e a distribuição das idéias sobre genes e função gênica nos livros didáticos analisados, uma das pesquisadoras que integram nosso grupo (a saber, a segunda autora do presente artigo) examinou cuidadosamente os dados brutos e os resultados de análise produzidos pela pesquisadora que trabalhou com os livros inicialmente (a primeira autora deste artigo). Buscamos, assim, contornar problemas que são inevitáveis nesse tipo de estudo, como a interpretação equivocada de passagens dos textos, ou vieses claramente presentes nas análises realizadas.

Resultados e Discussão

Enfocaremos aqui os conceitos de genes e as idéias sobre função gênica apresentadas pelos livros didáticos. Nossos achados são resumidos pelas Figuras 1 e 2. Relatamos, ainda, resultados concernentes aos contextos nos quais diferentes conceitos de gene aparecem nos livros analisados (Figuras 3 a 7).

Conceitos de gene

A Figura 1 mostra que o conceito molecular clássico de gene foi empregado com grande frequência pelos três livros didáticos analisados, apesar de não ser o conceito mais prevalente em nenhum deles. Em dois livros (Alberts et al, 2002, Lodish et al, 2003), a concepção informacional predominou, enquanto no terceiro (Karp, 2004) a concepção mendeliana do gene como unidade de herança foi a mais freqüente.

Na Figura 1 fica claro, também, que Karp exibiu, em termos gerais, mais ocorrências de conceitos de gene do que os outros livros. Isso pode ser explicado pelo fato de que este livro busca explorar principalmente a discussão de conceitos e experimentos, conforme indicado, inclusive, em seu título.

Surpreendeu-nos, em alguma medida, o achado de que o conceito molecular clássico, apesar de ter sido largamente adotado, não foi o conceito mais freqüente nos livros analisados. De qualquer modo, quando consideramos os vários achados que desafiam este conceito (já mencionado no início deste texto), e tendo na devida conta que os três livros abordam várias dessas anomalias, torna-se evidente que as conseqüências para nossa compreensão do que são os genes não são adequadamente tratados pelos materiais analisados.

Conceitos de gene

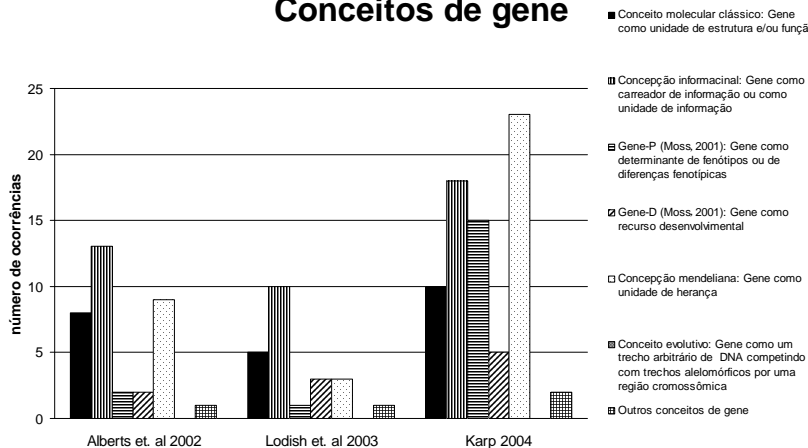


Figura 1: Ocorrência de conceitos de gene em três livros didáticos de Biologia Celular e Molecular largamente utilizados

Fonte: De acordo com a pesquisa dos autores

Eis um exemplo de uma passagem que apresenta o conceito molecular clássico de gene:

Um gene é definido como o segmento de seqüência de DNA que corresponde a uma única proteína (ou a uma única molécula de RNA catalítico ou estrutural, para aqueles genes que produzem RNA, mas não proteína) (Alberts et al, 2002, p. 9. Ênfase no original. Todas as traduções de trechos dos livros foram feitas pelos autores do presente artigo).

Um outro exemplo é encontrado na citação a seguir, na qual os autores adotam, ainda, um modelo completamente inclusivo para o gene, que incorpora neste seqüências requeridas para a transcrição e regulação gênica, tais como promotores, *enhancers* ou acentuadores, seqüências de terminação, reguladores, etc.:

Em termos moleculares, um gene é comumente definido como toda a seqüência de ácido nucléico que é necessária para a síntese de um produto gênico funcional (polipeptídeo ou RNA). Segundo essa definição, um gene

inclui mais do que os nucleotídeos que codificam a seqüência de aminoácidos de uma proteína, referidos como a região codificante. Um gene também inclui todas as seqüências de DNA requeridas para a síntese de um transcrito de RNA particular (Lodish et al, 2003, p. 406. Ênfases no original).

Este modelo se depara, no entanto, com inúmeros problemas, relacionados principalmente ao fato de que existem muitos tipos distintos de elementos regulatórios, que geralmente operam em combinações complexas e variadas. Há elementos regulatórios que influenciam a transcrição independentemente da sua distância das seqüências codificantes, como *enhancers* e silenciadores, tornando árdua a tarefa empírica de determinar os limites de um gene. Existem elementos que afetam simultaneamente a expressão de diferentes genes. Há até mesmo elementos que são não-específicos, afetando qualquer promotor compatível ao alcance de sua influência. Assim, um modelo completamente inclusivo leva a uma enorme sobreposição de genes que dependem das mesmas seqüências regulatórias, trazendo dificuldades para a idéia de que um gene seria uma unidade estrutural. Além disso, quando consideramos fenômenos como os efeitos de posição, o fato de que seria justificada a inclusão de uma seqüência em um gene caso se mostrasse meramente que ela modula a transcrição, leva a problemas significativos. Se um rearranjo do material genético termina por posicionar um gene próximo a regiões de heterocromatina e a expressão do gene é fortemente afetada por esta posição, um modelo completamente inclusivo demandará que toda a região de heterocromatina (e, logo, uma extensão bastante grande de um cromossomo) seja incluída no gene. Este conjunto de problemas, dentre muitos outros, sugere que devemos abandonar um modelo de gene completamente inclusivo (Fogle, 1990). É curioso notar, então, que parte destas propriedades dos elementos regulatórios é discutida em livros didáticos de Biologia Celular e Molecular, incluindo Lodish et al, (2003), mas as suas conseqüências para tal descrição do gene não são levadas em consideração.

É mais problemática, ainda, a predominância nos livros da concepção informacional do gene, que, no estado atual do conhecimento, não corresponde a um conceito claramente definido, e sim é uma metáfora. Esta concepção

não é acompanhada, nos livros didáticos, por qualquer abordagem teoricamente consistente do que seria a “informação biológica”, o que não é surpreendente, haja vista que uma teoria da informação biológica não é ainda encontrada na Biologia como um todo. O seguinte trecho fornece um exemplo desta concepção:

Em termos moleculares, o DNA deve conter a informação para a ordem específica de aminoácidos em todas as proteínas que são sintetizadas por um organismo (Karp, 2004, p. 407).

Embora a prevalência da concepção mendeliana não possa ser entendida como inadequada, deve-se considerar a necessidade de relacioná-la claramente a uma compreensão dos genes que vá além de um tratamento pré-molecular do conceito. Assim, consideramos que o problema no caso da prevalência desta concepção em Karp não consiste na elevada frequência com que ela é encontrada, particularmente quando consideramos os contextos nos quais é usada (ver a seguir). O problema reside, antes, no fato de que as idéias sobre genes mais freqüentes neste livro, após a concepção mendeliana, são a concepção informacional e o conceito de gene-P. A primeira, como discutido anteriormente, não vai além de metáforas sugestivas, enquanto este último está comprometido com uma visão instrumental, pré-formationista, que também caracterizou a genética mendeliana, sendo também anterior, assim, a um entendimento das bases moleculares da herança. Desse modo, a tarefa de explicar o funcionamento molecular dos genes termina por caber apenas ao conceito molecular clássico, que é também muito freqüente neste livro.

Um exemplo da concepção mendeliana é oferecido pela seguinte passagem, que também ilustra a combinação num único trecho de diferentes idéias sobre genes (no caso, a concepção informacional), uma situação freqüentemente observada nos livros analisados:

Gene – Unidade física e funcional da hereditariedade, que carrega informação de uma geração para outra (Lodish et al, 2003, Glossário, G-9).

O conceito de gene-P, por sua vez, pode ser exemplificado pela seguinte citação, na qual também podemos notar a presença da concepção informacional:

Essas instruções são armazenadas dentro de cada célula viva na forma de seus genes, os elementos carreadores de informação que determinam as características de uma espécie como um todo e dos indivíduos que a ela pertencem (Alberts et al, 2002, p. 191).

Alguns conceitos de gene foram relativamente raros nos livros analisados. O conceito evolutivo de gene, em particular, não foi encontrado em qualquer uma das três obras analisadas. Este fato não é surpreendente, visto que é mais provável encontrar este conceito no âmbito da Biologia evolutiva e, logo, em livros didáticos desta área. Trechos que pudessem ser relacionados ao conceito de gene-D também não foram frequentes. Isso é compreensível, contudo, uma vez que esta última idéia está conectada a uma abordagem relativamente recente na Filosofia da Biologia, que não apresenta grande penetração entre geneticistas e biólogos moleculares praticantes, a saber, a teoria dos sistemas desenvolvimentais (*developmental systems theory*) (Sterelny; Griffiths, 1999; Oyama, 2000; Oyama et al, 2001). O conceito de gene-D esteve mais frequente em Karp do que nos outros dois livros analisados, mas este achado parece ser uma simples consequência do fato de que neste livro foi encontrado, em termos gerais, um maior número de ocorrências de conceitos de gene, em comparação com os outros. O seguinte trecho constitui um exemplo de passagem que apresenta o conceito de gene-D:

.... toda célula de nosso corpo contém um conjunto completo de “genes humanos”. Conseqüentemente, não é a presença ou ausência de genes numa célula que determina as propriedades daquela célula, mas como esses genes são utilizados. Aquelas células que se tornam células hepáticas, por exemplo, o fazem porque expressam um conjunto específico de “genes do fígado”, enquanto ao mesmo tempo reprimem aqueles genes cujos produtos não estão envolvidos na função hepática. O assunto da expressão gênica seletiva, que está no âmago da Biologia Molecular, nos ocupará pelo resto deste artigo (Karp, 2004, p. 521).

Idéias sobre função gênica

Na Figura 2 apresentamos os resultados a respeito das idéias sobre função gênica encontradas nos livros analisados. Em todos eles, a codificação da estrutura primária de RNAs e proteínas foi a principal função atribuída aos genes. Esta é uma idéia associada ao conceito molecular clássico, existindo, pois, uma clara relação entre a elevada frequência deste último conceito e as idéias sobre função gênica encontradas nas obras investigadas.

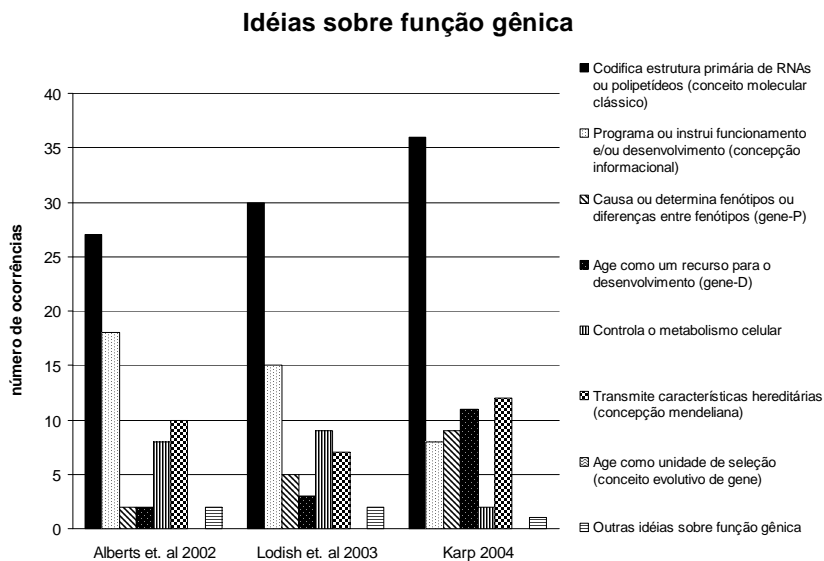


Figura 2: Ocorrência de idéias sobre função gênica em três livros didáticos de Biologia Celular e Molecular amplamente utilizados.

Fonte: De acordo com a pesquisa dos autores

Em Alberts et al (2002), podemos encontrar o seguinte exemplo desta maneira de compreender a função gênica:

[...] a informação genética no DNA é usada para fazer tanto RNA quanto proteínas (p. 08).

Outra idéia freqüente, principalmente em Alberts *et al* (2002) e Lodish *et al* (2003), é a concepção informacional do gene como um programa ou manual de instruções para o funcionamento celular e o desenvolvimento. A idéia relacionada de que genes controlam o metabolismo celular também foi relativamente freqüente nesses livros didáticos. Como um exemplo, podemos citar a seguinte passagem:

Embora o DNA armazene a informação para a síntese de proteínas e o RNAm transporte as instruções codificadas no DNA, muitas atividades biológicas são realizadas por proteínas. [...] Por esta razão, a montagem dos aminoácidos em sua ordem correta, conforme codificada no DNA, é crítica para a produção de proteínas funcionais e, assim, para o funcionamento adequado de células e organismos (Lodish et al, 2003, p. 119).

Um outro exemplo claro é apresentado a seguir:

Assim, mediante a especificação do conjunto de proteínas que a célula precisa manufaturar, a informação genética gravada na seqüência de DNA dita a química completa da célula; e não apenas a sua química, mas também a sua forma e o seu comportamento, porque estes também são construídos e controlados principalmente pelas proteínas celulares (Alberts et al, 2002, p. 12).

Deve-se mencionar, no entanto, que estas idéias estão relacionadas a metáforas bastante criticadas (*e.g.*, Oyama, 2000; Nijhout, 1990; El-Hani, 1997; Griffiths; Neumann-Held, 1999; Keller, 2000). Como El-Hani et al (2006) discutem, quando pensamos na informação biológica como se o DNA fosse uma espécie de reservatório de onde toda a “informação” em uma célula flui e para onde ela deve ser, em última análise, reduzida, tendemos a enfatizar excessivamente o papel do DNA nos sistemas celulares, tornando-o um “programa para o desenvolvimento” completo ou um “controlador” todo-poderoso do metabolismo celular. Enquanto, porém, estamos encantados por esta visão do papel do DNA, tendemos a esquecer que o DNA parece funcionar mais como um conjunto de dados do que como um programa nos sistemas celulares (Atlan, Koppel, 1990). Isto é, perdemos de vista que os genes são fontes de materiais para as células e entidades registradoras (*bookkeeping*

entities) na evolução (Gould, 2002), desempenhando papéis que são, obviamente, importantes, mas não podem ser corretamente descritos como agentes mestres (ou moléculas mestres) nos processos celulares (Nijhout, 1990). Como sugere Keller (2000, p. 146), caso falemos de fato de um programa celular, mantendo esta metáfora também sujeita a críticas, devemos ao menos considerar que nosso conhecimento atual a respeito das células indica que este programa não poderia estar limitado ao DNA, mas seria antes um programa compartilhado no qual todos os componentes celulares funcionam alternativamente como “instruções” e “dados”. Em suma, não podemos negligenciar o fato de que não é o DNA que faz coisas com a célula, mas a célula que faz coisas com o DNA. Ou, para empregar outra analogia, as moléculas de DNA são governadas pelas células, em vez de comandá-las de maneira ditatorial. Sistemas biológicos funcionam por meio de estruturas de controle “democráticas”, e não “ditatoriais”, *i.e.*, nem o genoma nem o metabolismo têm supremacia em relação a outros processos celulares (Bruggeman et al, 2002).

De maneira similar, encontramos uma relação entre a concepção informacional, um modo de entender os genes e seu papel que se mostrou freqüente nos livros didáticos analisados, e idéias correspondentes sobre função gênica. Também no caso da concepção mendeliana do gene como transmissor de características hereditárias, há uma boa correlação com idéias sobre função gênica. Esta compreensão da função gênica pode ser exemplificada pela seguinte citação, que também apresenta uma superposição entre a concepção mendeliana e a idéia de que genes controlam características, relacionada com a concepção informacional:

A informação armazenada no DNA é organizada em unidades hereditárias, atualmente conhecidas como genes, que controlam características identificáveis de um organismo (Lodish et al, 2003, p. 101. Ênfase no original).

Em Karp constatamos uma freqüência relativamente alta de discussões sobre a função dos genes nos processos de desenvolvimento. Este foi um aspecto interessante, na medida em que o conceito de gene correspondente, o de gene-D, se mostrou pouco presente neste livro didático. A seguinte passagem ilustra esta visão sobre a função gênica:

Em 1971, Susumu Ohno [...] publicou um livro intitulado “Evolução por Duplicação Gênica”, no qual propunha que a evolução dos vertebrados a partir de um invertebrado ancestral muito mais simples se tornou possível por meio de duas rodadas distintas de duplicação de todo o genoma, durante um período evolutivo remoto. Ohno (1971) sugeriu que os milhares de genes a mais que teriam sido gerados pela duplicação do genoma poderiam ser moldados, através dos tempos, em novos genes que foram requeridos para a codificação do corpo mais complexo dos vertebrados (Karp, 2004, p. 506).

Análise dos contextos nos quais diferentes conceitos de gene aparecem nas Figuras 3 a 7 apresentamos os dados referentes à distribuição dos contextos nos quais diferentes conceitos de gene foram encontrados nos livros didáticos analisados. A Figura 3 mostra que o conceito molecular clássico de gene esteve presente, em todos os livros analisados, principalmente ao longo da abordagem de conteúdos relacionados à Biologia molecular e à genética molecular. Esse conceito foi também encontrado nos glossários de todos os três livros. Ele foi relativamente freqüente no tratamento de conteúdos de Bioquímica em Alberts *et al* (2002) e Karp (2004). Ao tratar da genética clássica, tanto Alberts *et al* quanto Karp apresentaram idéias relacionadas a este conceito. Nas seções de Karp dedicadas à história da genética, o conceito molecular clássico também foi bastante freqüente. A Figura 3 indica ainda que, neste último livro, este conceito foi encontrado numa grande variedade de contextos, incluindo a genética evolutiva, Engenharia Genética, genômica, etc.

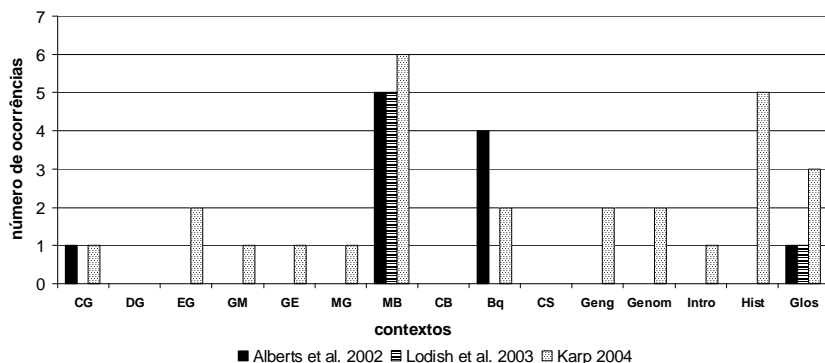


Figura 3: Distribuição de contextos nos quais o conceito molecular clássico de gene aparece em três livros didáticos de Biologia Celular e Molecular largamente utilizados. **CG** – Genética Clássica; **DG** – Genética do Desenvolvimento; **EG** – Genética Evolutiva/ Genética de Populações; **GM** – Genética de Microorganismos; **GE** – Genética de Eucariotos; **MG** – Genética Médica; **MB** – Biologia Molecular/Genética Molecular; **CB** – Biologia Celular; **Bq** – Bioquímica; **CS** – Sinalização Celular; **Geng** – Engenharia Genética; **Genom** – Genômica; **Intro** – Introdução; **Hist** – História da Ciência; **Glos** – Glossário.

Fonte: De acordo com a pesquisa dos autores

Na Figura 4 podemos notar que a concepção informacional de gene também foi prevalente no tratamento de conteúdos de Biologia Molecular e genética molecular. Em Karp (2004), no entanto, esta concepção foi mais freqüente no contexto da Biologia Celular. Neste mesmo livro encontramos um número relativamente grande de ocorrências dessa concepção em seções relacionadas à história da Ciência. É interessante notar que em todos os três livros analisados essa concepção foi encontrada em contextos mais diversificados do que o conceito molecular clássico. Esses resultados mostram quão disseminada está essa concepção, a despeito de não possuir bases teóricas consistentes.

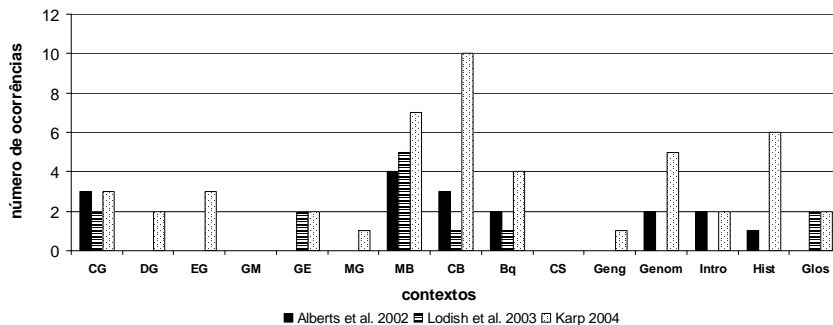


Figura 4: Distribuição de contextos nos quais a concepção informacional de gene aparece em três livros didáticos de Biologia Celular e Molecular largamente utilizados. **CG** – Genética Clássica; **DG** – Genética do Desenvolvimento; **EG** – Genética Evolutiva/ Genética de Populações; **GM** – Genética de Microorganismos; **GE** – Genética de Eucariotos; **MG** – Genética Médica; **MB** – Biologia Molecular/Genética Molecular; **CB** – Biologia Celular; **Bq** – Bioquímica; **CS** – Sinalização Celular; **Geng** – Engenharia Genética; **Genom** – Genômica; **Intro** – Introdução; **Hist** – História da Ciência; **Glos** – Glossário.

Fonte: De acordo com a pesquisa dos autores

A Figura 5, por sua vez, mostra que o conceito de gene-P foi bastante freqüente em Karp (2004), principalmente em cinco contextos distintos: genética clássica, genética médica, Biologia Molecular/genética molecular e seções voltadas para a história da Ciência. É interessante notar que os contextos em que este conceito se mostrou mais freqüente corresponderam às seções sobre história da genética e genética médica. Na genética médica, é mais provável que o foco recaia sobre a relação preditiva entre *loci* gênicos e condições patológicas, não se considerando, então, as complexidades inerentes às relações genótipo-fenótipo. Por sua vez, a história da genética esteve marcada pela presença central do gene-P em jogos explanatórios que sempre fizeram parte da pesquisa nesta área, como a interpretação de heredogramas. Em Alberts et al (2002) e Lodish et al (2003) este conceito apareceu com baixa freqüência, apesar de a sua presença ter sido detectada em uma variedade maior de contextos naquele primeiro livro.

Na Figura 6 pode-se observar que o conceito de gene-D foi encontrado principalmente em Karp (2004), com uma freqüência significativamente mais alta no contexto da genética do desenvolvimento. Isso era esperado, visto que este é um conceito no qual genes são tratados como recursos para o desenvolvimento. Em Alberts *et al.* (2002), este conceito foi quase ausente, enquanto que em Lodish et al (2003) ele foi encontrado em três contextos distintos, sendo também mais freqüente nas discussões sobre genética do desenvolvimento.

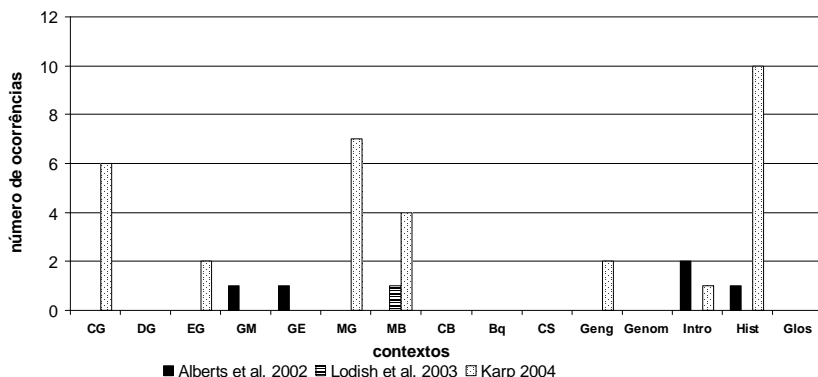


Figura 5: Distribuição de contextos nos quais o conceito de gene-P aparece em três livros didáticos de Biologia Celular e Molecular largamente utilizados. **CG** – Genética Clássica; **DG** – Genética do Desenvolvimento; **EG** – Genética Evolutiva/ Genética de Populações; **GM** – Genética de Microorganismos; **GE** – Genética de Eucariotos; **MG** – Genética Médica; **MB** – Biologia Molecular/ Genética Molecular; **CB** – Biologia Celular; **Bq** – Bioquímica; **CS** – Sinalização Celular; **Geng** – Engenharia Genética; **Genom** – Genômica; **Intro** – Introdução; **Hist** – História da Ciência; **Glos** – Glossário.

Fonte: De acordo com a pesquisa dos autores

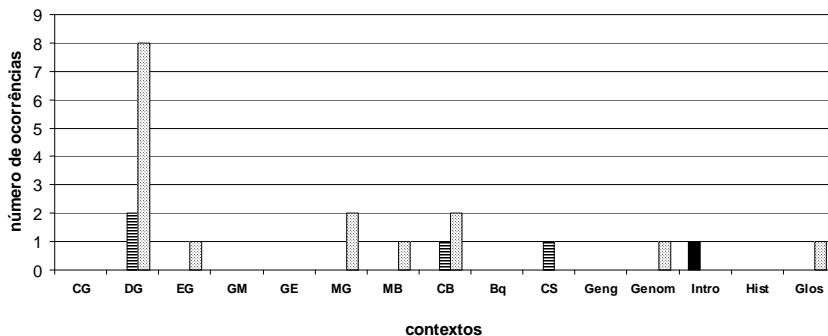


Figura 6: Distribuição de contextos nos quais o conceito de gene-D aparece em três livros didáticos de Biologia Celular e Molecular largamente utilizados. **CG** – Genética Clássica; **DG** – Genética do Desenvolvimento; **EG** – Genética Evolutiva/Genética de Populações; **GM** – Genética de Microorganismos; **GE** – Genética de Eucariotos; **MG** – Genética Médica; **MB** – Biologia Molecular/Genética Molecular; **CB** – Biologia Celular; **Bq** – Bioquímica; **CS** – Sinalização Celular; **Geng** – Engenharia Genética; **Genom** – Genômica; **Intro** – Introdução; **Hist** – História da Ciência; **Glos** – Glossário.

Fonte: De acordo com a pesquisa dos autores

Nas seções anteriores vimos que a concepção mendeliana de gene prevaleceu em Karp (2004). A análise dos contextos nos quais esta concepção apareceu, mostrada na Figura 7, torna claro que a maior parte dessas ocorrências aconteceram em seções nas quais o livro discute a história da genética. Por um lado, isso reduz a impressão inicial de que este livro poderia comprometer-se com um tratamento pré-molecular do gene, mas, por outro lado, é ainda o caso de que a compreensão dos genes como entidades materiais é deixado nesse livro, como mencionado anteriormente, a cargo do conceito molecular clássico, apesar de todas as críticas a este conceito. Nos outros dois livros a concepção mendeliana apareceu com baixa frequência, com a maior parte das ocorrências associada ao contexto da genética clássica.

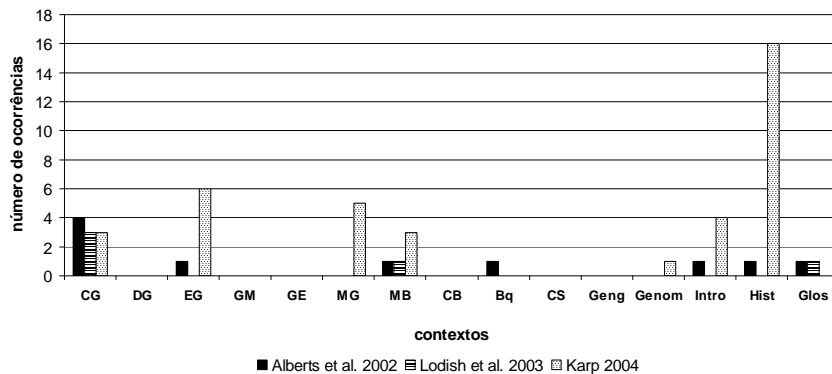


Figura 7: Distribuição de contextos nos quais a concepção mendeliana de gene aparece em três livros didáticos de Biologia Celular e Molecular largamente utilizados. **CG** – Genética Clássica; **DG** – Genética do Desenvolvimento; **EG** – Genética Evolutiva/ Genética de Populações; **GM** – Genética de Microorganismos; **GE** – Genética de Eucariotos; **MG** – Genética Médica; **MB** – Biologia Molecular/Genética Molecular; **CB** – Biologia Celular; **Bq** – Bioquímica; **CS** – Sinalização Celular; **Geng** – Engenharia Genética; **Genom** – Genômica; **Intro** – Introdução; **Hist** – História da Ciência; **Glos** – Glossário.

Fonte: De acordo com a pesquisa dos autores

Outros conceitos de gene ocorreram apenas quatro vezes nos três livros analisados – duas delas em Karp (2004) –, nos seguintes contextos: Biologia Molecular/genética molecular; genômica; genética evolutiva/genética de populações; seções sobre história da ciência. Em termos gerais, o livro de Karp foi o que apresentou conceitos de gene numa variedade maior de contextos. Os resultados apresentados também deixam claro que o conceito molecular clássico e a concepção informacional de gene estão presentes numa diversidade maior de contextos do que outras idéias sobre genes.

Considerações finais

Inicialmente convém explicar que os resultados aqui apresentados, embora devam ser certamente aprimorados por esforços empreendidos numa etapa posterior de nosso estudo para aumentar a validade e fidedignidade internas dos dados e das análises, capturam características salientes dos livros didáticos de Biologia Celular e Molecular analisados, que se mostram passíveis de extensão para outros livros de mesma natureza. Esses resultados são interessantes em vários sentidos. Primeiro, deve-se observar que, apesar dos vários desafios ao conceito molecular clássico de gene e de a concepção informacional não apresentar um significado claro na estrutura teórica atual da Biologia, ambos são amplamente empregados nos livros didáticos de Biologia Celular e Molecular investigados neste trabalho, em uma grande diversidade de contextos.

Este fato não deixa de ser curioso, uma vez que estes mesmos livros usualmente discutem muitos resultados experimentais que levaram à crise do conceito molecular clássico. Embora tais resultados apóiem a rejeição da idéia de que genes são unidades de estrutura, função e/ou informação (Fogle, 1990; El-Hani, 2007), estes livros não os adotam como base para desafiar esta idéia ou, em termos mais gerais, para propor qualquer discussão explícita a respeito das dificuldades que atualmente enfrentamos ao tentarmos entender o que é um gene. De fato, nossos resultados mostram que não há nesses livros muitas tentativas de abordar debates a respeito do significado do termo “gene”.

Nos livros analisados também detectamos uma proliferação de significados do termo “gene” que podem tornar o conceito vago e confuso, e até mesmo levar a concepções equivocadas. Neste caso, enfrentamos o problema de avaliar as conseqüências da variação conceitual, que tem sido uma característica da compreensão dos genes pela própria comunidade científica, durante toda a história da genética e da Biologia Molecular. Assim como foi observado no caso da comunidade científica, constatamos nos livros didáticos uma tendência a empregar diferentes conceitos de gene em diferentes áreas da genética e Biologia Celular e Molecular. O que podemos dizer a respeito das conseqüências de tal variação conceitual?

Alguns autores nos fazem lembrar que esta variação conceitual foi heurísticamente útil no passado (*e.g.*, Kitcher, 1982; Falk, 1986; Griffiths; Neumann-Held, 1999). Podemos concluir, então, que o problema não está apenas na proliferação de significados do termo “gene”. Caso o contexto de aplicação de cada significado fosse suficientemente demarcado, de tal maneira que ambigüidades e confusão semântica não fossem muito prováveis, não haveria qualquer problema com o fato de o termo “gene” apresentar diversos significados. Temos razões para pensar, contudo, que este não é o caso, tanto na comunidade científica quanto nos livros didáticos analisados. Vários autores alertam para a possibilidade de a variação conceitual que atualmente caracteriza o termo “gene” levar a sérias dificuldades, fazendo com que estejamos “... perigosamente próximos de concepções e compreensões equivocadas” (Falk, 1986, p. 173). Fogle (1990, p. 350), por sua vez, argumenta que, “a despeito dos avanços metodológicos propostos para a justaposição de conceitos de ‘gene’, é também verdade [...] que resultam confusão e conseqüências ontológicas quando a intenção clássica para ‘gene’ se combina a um ‘gene’ molecular clássico com significado fluido”. El-Hani (2007) sustenta que não é necessário propor um único conceito de gene, que busque abarcar toda a diversidade de significados conectados a este termo; ao contrário, podemos precisar, sim, de uma diversidade de definições para “gene”, desde que tenham domínios de aplicação bem delimitados.

Nos livros analisados os problemas potenciais na maneira como os genes são abordados podem ser caracterizados em termos da ausência de um tratamento sistemático e teoricamente consistente dos conceitos de gene, que poderia levar biólogos em treinamento a adquirirem um entendimento claro e filosoficamente informado a respeito desse conceito central no pensamento biológico. Desse modo, eles poderiam se tornar capazes de atribuir diversos significados ao termo “gene”, de acordo com as demandas das suas práticas epistêmicas, com uma compreensão clara de como cada um deles se insere em distintos esquemas teóricos de sua ciência.

Referências

- ATLAN, H.; KOPPEL, M. The cellular computer DNA: Program or data? *Bulletin of Mathematical Biology*, v. 52, p. 335-348, 1990.
- BARDIN, L. *Análise de conteúdo*. Lisboa: Edições 70, 2000.
- BLACK, D. L. Mechanisms of alternative pre-messenger RNA splicing. *Annual Review of Biochemistry*, v. 72, p. 291-336, 2003.
- BRUGGEMAN, F. J.; WESTERHOFF, H. V.; BOOGERD, F. C. Biocomplexity: A pluralist research strategy is necessary for a mechanistic explanation of the “live” state”. *Philosophical Psychology*, v. 15, p. 411-440, 2002.
- DAWKINS, R. *The extended phenotype*. Oxford: W. H. Freeman, 1982.
- EL-HANI, C. N. Explicações causais do desenvolvimento: São os genes suficientes? *Cadernos de História e Filosofia da Ciência*, v. 7, p. 121-167, 1997.
- EL-HANI, C. N. Between the cross and the sword: the crisis of the gene concept. *Genetics and Molecular Biology*, v. 30, n. 2, p. 297-307, 2007.
- EL-HANI, C. N.; QUEIROZ, J.; EMECHE, C. A semiotic analysis of the genetic information system. *Semiotica*, v. 160, p. 1-68, 2006.
- 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, P.; FALK, R.; RHEINBERGER, H.-J. (Eds.). *The concept of the gene in development and evolution*. Cambridge-UK: Cambridge University Press, 2000. p. 317-348.
- 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, P.; FALK, R.; RHEINBERGER, H.-J. (Eds.). *The concept of the gene in development and evolution*. Cambridge-UK: Cambridge University Press, 2000. p. 3-25.
- GOULD, S. J. *The structure of evolutionary theory*. Cambridge-MA: Harvard University Press, 2002.
- GRIFFITHS, P. E. Genetic information: A metaphor in search of a theory. *Philosophy of Science*, v. 68, p. 394-403, 2001.
- GRIFFITHS, P. E.; NEUMANN-HELD, E. The many faces of the gene. *BioScience*, v. 49, p. 656-662, 1999.
- KAY, L. E. *Who wrote the book of life? A history of the genetic code*. Stanford: Stanford University Press, 2000.

- KELLER, E. F. *The century of the gene*. Cambridge-MA: Harvard University Press, 2000.
- KELLER, E. F. The century beyond the gene. *Journal of Biosciences*, v. 30, p. 3-10, 2005.
- KITCHER, P. Genes. *British Journal for the Philosophy of Science*, v. 33, p. 337-359, 1982.
- LEITE, M. Retórica determinista no genoma humano. *Scientiae Studia*, v. 4, p. 421-452, 2006.
- MERTENS, T. R.; POLK, N. C. A comparison of thirteen General Genetics textbooks. *American Biology Teacher*, v. 42, p. 275-279, 1980.
- MOSS, L. Deconstructing the gene and reconstructing molecular developmental systems. In: OYAMA, S.; GRIFFITHS, P. E.; GRAY, R. D. (Eds.). *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.
- NEUMMAN-HELD, E.; REHMANN-SUTTER, C. *Genes in development*. Durham: Duke University Press, 2006.
- NIJHOUT, H. F. Metaphors and the role of genes in development. *Bioessays*, v. 12, p. 441-446, 1990.
- OYAMA, S. *The ontogeny of information: Developmental systems and evolution*. 2nd ed. Cambridge-UK: Cambridge University Press, 2000.
- OYAMA, S.; GRIFFITHS, P. E.; GRAY, R. D. (Eds.). *Cycles of contingency: Developmental systems and evolution*. Cambridge-MA: MIT Press, 2001.
- PARDINI, M. I. M. C.; GUIMARÃES, R. C. A systemic concept of the gene. *Revista Brasileira de Genética*, v. 15, p. 713-721, 1992.
- PEARSON, H. What is a gene? *Nature*, v. 441, p. 399-401, 2006.
- SNUSTAD, P.; SIMMONS, M. J.; JENKINS J. B. *Principles of genetics*. 4th ed. New York: John Wiley & Sons, 2005.
- STERELNY, K.; GRIFFITHS, P. E. *Sex and death: an introduction to the philosophy of biology*. Chicago: The University of Chicago Press, 1999.
- 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.
- WATSON, J. D.; CRICK, F. H. C. A structure for deoxyribose nucleic acid. *Nature*, v. 171, p. 737-738, 1953.
- WILLIAMS, G. C. *Adaptation and natural selection*. Princeton: Princeton University Press, 1966.

Livros didáticos analisados

ALBERTS, B.; JOHNSON, A.; LEWIS, J.; RAFF, M.; ROBERTS, K.; WALTER, P. *Molecular Biology of the Cell*. 4th ed. New York: Garland, 2002.

KARP, G. *Cell and molecular biology: Concepts and experiments*. 4th ed. New York: John Wiley and Sons, 2004.

LODISH, H.; KAISER, C. A.; BERK, A.; KRIEGER, M.; MATSUDAIRA, P.; SCOTT, M. P. *Molecular Cell Biology*. 5th ed. New York: W. H Freeman, 2003.

Recebido em 19/6/2007

Aceito em 10/7/2007