



Idéias sobre genes em livros didáticos de biologia do ensino médio publicados no Brasil

Ideas about genes in Brazilian high school biology textbooks

Vanessa Carvalho dos Santos

Universidade Federal da Bahia (UFBA)
Universidade Estadual de Feira de Santana (UEFS)
nessaoaks@yahoo.com.br

Charbel Niño El-Hani

Departamento de Biologia Geral
Instituto de Biologia (IB-UFBA)
charbel.elhani@pesquisador.cnpq.br

Resumo

Este artigo analisa o tratamento de conceitos de gene em livros didáticos de biologia do ensino médio publicados no Brasil. Idéias sobre genes largamente aceitas pela comunidade científica, como o conceito molecular clássico, de acordo com o qual um gene é um segmento de DNA que codifica um produto funcional único, têm sido desafiadas por achados como genes interrompidos, *splicing* alternativo etc. Nossos resultados, obtidos por meio de análise de conteúdo categorial, mostram que o conceito molecular clássico e outras idéias atualmente controversas ainda são bastante presentes nos livros didáticos, sem que anomalias e críticas sejam consideradas. Como uma diretriz decorrente de nossa investigação, defendemos a necessidade de incluir na educação científica de nível médio uma abordagem mais rica, atualizada e epistemologicamente bem fundamentada dos genes e de fenômenos que desafiam idéias típicas a seu respeito. Para desenvolver essa sugestão, discutimos como os livros abordam o *splicing* alternativo, um dos principais desafios ao conceito molecular clássico.

Palavras-chave: livros didáticos, ensino de biologia, gene, *splicing* alternativo, ensino médio.

Abstract

This paper analyzes the treatment of gene concepts in Brazilian high school biology textbooks. Ideas about genes largely accepted by the scientific community, such as the classical molecular concept, according to which a gene is a segment of DNA that codifies a

single functional product, have been challenged by findings such as split genes, alternative splicing, etc. Our results, obtained through categorical content analysis, show that the classical molecular concept and other currently controversial ideas are still quite present in the textbooks, with no consideration of anomalies and criticisms. As a guideline resulting from our investigation, we advocate the need of including in high school science education a richer, more updated, and epistemologically well grounded approach to genes and the phenomena challenging usual ideas about them. To develop further this suggestion, we discuss how the textbooks treat alternative splicing, one of the main challenges to the classical molecular concept.

Key words: textbooks; biology teaching; gene; alternative *splicing*; high school

Introdução

Os resultados da avaliação de livros didáticos de biologia no âmbito do Programa Nacional do Livro para o Ensino Médio (PNLEM), realizada em 2005 e 2006, mostraram a existência tanto de avanços quanto de problemas persistentes na abordagem dos conteúdos em várias áreas da biologia, incluindo a genética e a biologia celular e molecular (EL-HANI *et al.*, 2007). Neste artigo, abordaremos em maiores detalhes um dos problemas conceituais encontrados pela equipe de Biologia do PNLEM/2007, relativo ao conceito de gene, com o intuito de trazer contribuições para uma abordagem mais rica, atualizada e epistemologicamente bem fundamentada do assunto no ensino médio. Com base nos resultados do PNLEM, tomamos como foco de investigação o ‘conceito molecular clássico’ e a ‘concepção informacional’ de gene, visto que aqueles resultados mostraram seu predomínio nos livros didáticos de biologia do ensino médio analisados. Além disso, entre os desafios ao gene molecular clássico, concentramos nossa atenção no processo de emenda ou *splicing* alternativo, uma vez que este é um conteúdo já abordado em alguns livros de ensino médio.

Nas últimas três décadas, uma série de fenômenos colocou desafios importantes para o chamado ‘conceito molecular clássico’ de gene (GRIFFITHS & NEUMANN-HELD, 1999; STOTZ, GRIFFITHS & KNIGHT, 2004), de acordo com o qual um gene é um segmento de DNA que codifica um produto funcional único (polipeptídeo ou RNA). Entre os desafios, encontramos a existência de genes interrompidos, o *splicing* alternativo de RNA, os transposons, os genes superpostos e nidados (*nested genes*, que são genes que são encontrados dentro de outros genes), a edição de RNA mensageiro (RNAm) etc. (ver, por exemplo, FOGLE, 1990, 2000; FALK, 1986, 2000; PARDINI & GUIMARÃES, 1992; GRIFFITHS & NEUMANN-HELD, 1999; KELLER, 2000; MOSS, 2001, 2003; EL-HANI, 2005, 2007; EL-HANI, QUEIROZ & EMMECHE, 2006).

Dois desafios ao conceito molecular clássico merecerão especial atenção neste artigo, os genes interrompidos e uma de suas conseqüências, o *splicing* alternativo. Nos genomas eucarióticos, muitos genes são interrompidos, com seqüências codificantes – éxons – intercaladas com seqüências não-codificantes – íntrons. Assim, é necessário um processo de retirada dos íntrons do transcrito primário e subsequente emenda de éxons num RNA mensageiro maduro, para que a síntese protéica seja possível. Este processo, por si só, é suficiente para desafiar a idéia de uma relação de um para um entre a unidade de transcrição e um produto funcional, RNA ou polipeptídeo. Mas a situação se agrava ainda mais com a combinação diferencial de éxons, que possibilita que múltiplas proteínas relacionadas (isoformas) sejam formadas a partir de um único gene (BLACK, 2003), a depender, por exemplo, do genótipo sexual, do estado de desenvolvimento/diferenciação celular, da idade da célula e/ou da ativação de uma via particular de sinalização celular. Pode-se dizer, assim, que

fenômenos como a existência de genes interrompidos e o *splicing* alternativo tornam difícil sustentar a idéia geral de genes como unidades (sejam estruturais, funcionais ou informacionais), que é parte essencial do conceito molecular clássico (FOGLE, 1990).

Fenômenos como o *splicing* alternativo requerem que as concepções de gene não se limitem ao simples esquema capturado em fórmulas como ‘um gene-uma proteína ou polipeptídeo’ (FALK, 1986; FOGLE, 1990). E nem mesmo a reformulação para o esquema ‘um gene-várias proteínas ou polipeptídeos’ poderia acomodar suficientemente o desafio do *splicing* alternativo. Além da perda de especificidade dos genes em relação aos polipeptídeos que serão produzidos, visto que padrões de *splicing* são determinados pelo contexto epigenético celular (KELLER, 2000), não é possível esclarecer dessa maneira onde afinal estaria o gene. Se o gene estivesse não no DNA, mas em cada RNAm emendado, adotando-se então a fórmula ‘um RNA maduro-uma proteína’, também seria necessário acomodar o fato de que o próprio RNAm pode ser modificado (edição de RNA) e de que o transcrito final pode ser emendado a partir de éxons derivados de diferentes transcritos primários (*trans-splicing*). Se a intenção for manter uma relação de um para um entre gene e produto gênico, o RNAm também não será, assim, o local mais adequado para situar-se o gene. Além disso, genes existentes em RNAs existiriam no zigoto recém-formado apenas como possibilidades (KELLER, 2000) e, desse modo, não teriam a permanência e estabilidade atribuídas aos genes desde os primórdios do conceito. Estes genes demarcados no RNA não se encontrariam nos cromossomos e, muitas vezes, sequer no núcleo, visto que a versão final do transcrito pode ser concluída apenas no citoplasma. Não poderíamos então eliminar do conceito de gene as idéias de estabilidade e permanência, ou de existência nos cromossomos ou no núcleo? A questão, então, seria a de se o conceito assim redefinido poderia cumprir os papéis explicativos que lhe cabem na genética e biologia celular e molecular. Apenas para ilustrar as dificuldades que seguiriam de tal redefinição, como poderíamos pensar nos genes como entidades que mediam a herança de características de uma geração a outra se eles não possuísem suficiente estabilidade e permanência, e existissem no zigoto apenas como possibilidades? Torna-se aparente que a tentativa de manter o conceito de gene como unidade poderia terminar tendo um preço alto demais, afastando nossa compreensão dos genes dos requisitos explicativos que nos fizeram construir tal conceito em primeiro lugar.

Nosso interesse recai, em particular, sobre a possibilidade de introduzir no ensino médio, mediante recontextualização didática, a explicação de fenômenos que desafiam o conceito molecular clássico, bem como os próprios debates sobre o conceito de gene. O foco sobre livros didáticos resulta do papel crucial que eles têm na formação de cientistas e professores de ciências, bem como no próprio ensino médio. Não se trata, contudo, de apenas defender a atualidade do conhecimento escolar de ciências em si mesma. Propomos que o tratamento das idéias sobre genes e informação genética nos livros didáticos (e, em termos mais gerais, no ensino de biologia) deve aproximar-se mais da complexidade dos sistemas genéticos a fim de evitar interpretações equivocadas por parte dos estudantes, que poderão levar a problemas persistentes em seu entendimento de idéias científicas fundamentais, que poderão, ainda, ter conseqüências importantes para o exercício de sua cidadania. Este é o caso, por exemplo, das visões deterministas sobre as relações entre genes e características fenotípicas, que são favorecidas por certas abordagens do conceito de gene. Estas interpretações equivocadas são fontes potencialmente importantes de simplificações excessivas das relações genótipo-fenótipo e da estrutura e dinâmica dos sistemas genômicos que encontramos nos discursos sobre genes em diferentes esferas de nossa sociedade.

Como ponto de partida, investigamos a freqüência de ocorrência do ‘conceito molecular clássico’ de gene nos livros didáticos do ensino médio, bem como a freqüência e o modo de abordagem de fenômenos que desafiam esse conceito, em particular, o *splicing* alternativo.

Investigamos também o tratamento dos genes como unidades ou carreadores de informação, ou seja, a concepção ‘informacional’ do gene (STOTZ *et al.*, 2004). O problema com esta concepção reside na natureza do discurso da informação na biologia, composto por uma série de metáforas à espera de uma teoria da informação biológica (ainda inexistente) que possa atribuir-lhes sentido mais preciso (GRIFFITHS, 2001; STOTZ *et al.*, 2004; EL-HANI *et al.*, 2006). Sintomaticamente, o uso do conceito de ‘informação genética’ pode não estar sendo acompanhado, nos livros do ensino médio, por qualquer referencial teórico que lhe confira um sentido claro, sendo este mais um ponto investigado no presente trabalho.

No que concerne às conseqüências para a sociedade e o exercício da cidadania, construir uma teoria da informação biológica e difundir uma abordagem mais ampla do conceito de gene podem contribuir para desmitificar as representações que o público faz da genética, da biologia molecular, da genômica e de suas capacidades, reposicionando substancialmente o debate bioético, social, econômico, político e ecológico nesta era pós-genômica. Podem ser mitigadas, por um lado, afirmações de onipotência da revolução biológica, a redução dos humanos à sua biologia molecular, a obtenção de verbas públicas e privadas com base em promessas hiperbólicas e ainda sem sustentação científica, a venda de biotecnologias como se fossem fontes de ferramentas altamente precisas para intervir na saúde humana, na produção de alimentos etc., como se não implicassem qualquer risco ou efeitos cuja previsibilidade não é fácil (LEITE, 2006; BRUNI, 2003). Por outro lado, o foco em promessas exageradas como a de curar todas as doenças ou de alimentar a população do terceiro mundo poderia ser deslocado para objetivos mais modestos, nos quais prevalecesse um sentido ético e de prudência na intervenção sobre a natureza. Por exemplo, o determinismo genético não poderia mais servir de alibi para isenção de culpa de regimes políticos, grupos sociais, estruturas econômicas no que diz respeito à exclusão de acesso de grandes contingentes das populações a benefícios sociais – muitos dos quais resultantes da própria pesquisa científica. Não se poderia mais usar compreensões simplistas da relação entre genes e características fenotípicas para estigmatizar grupos étnicos ou indivíduos, sobre os quais seria lançada a própria culpa por sua condição (KAMIN *et al.*, 1984). É evidente que a educação científica tem responsabilidade fundamental na construção do modo como entendemos os genes e seu papel nos sistemas vivos e, portanto, deve ter igual responsabilidade na transformação que sustentamos ser necessária em tal compreensão.

Marco teórico

A idéia da existência de uma unidade hereditária responsável pela transmissão e determinação de cada característica ou traço fenotípico de um organismo pode ter sua origem traçada até o conceito de ‘fator’, empregado por Mendel em seu célebre artigo de 1865 (MENDEL, 1965), embora não se deva perder de vista que não é claro que Mendel estivesse de fato trabalhando com a idéia de partículas pareadas no germoplasma, os atuais alelos (BOWLER, 2003). Este pode ter sido um aspecto incorporado na leitura de De Vries e Correns, os redescobridores do trabalho daquele que viria a ser aclamado como pai da genética. De qualquer forma, o ‘**gene mendeliano**’ acabou por se afirmar como um conceito chave da nascente genética, no começo do século XX, sendo inicialmente entendido como um conceito abstrato de natureza instrumental, uma unidade de cálculo para expressar a regularidade da transmissão de caracteres fenotípicos em cruzamentos, sem qualquer hipótese sobre possíveis entidades materiais, reais que corresponderiam a eles (FALK, 1986).

Nos primeiros anos da genética clássica, não havia ainda uma distinção clara entre o caráter manifesto (o fenótipo) e o potencial herdado de apresentar tal caráter (genótipo). Esta distinção foi feita pelo geneticista dinamarquês Wilhelm L. Johannsen, em 1908, o que o

levou, então, a propor em 1909 um termo para designar as unidades que constituiriam o genótipo, 'gene'. Os genes de Johannsen ainda eram entendidos, contudo, como construtos instrumentais.

Com o estabelecimento da teoria cromossômica da herança pelo grupo de T. H. Morgan, em 1911, prevaleceu uma compreensão sobre genes que Gericke e Hagberg (2007) denominam o **'gene clássico'**, não mais entendido como um construto instrumental, mas como uma entidade real, uma partícula indivisível no cromossomo, no qual genes estariam organizados como as contas de um colar. Não se conhecia, contudo, a estrutura molecular dos genes, dos quais se tinha apenas a vaga noção de que fossem ou atuassem como enzimas na determinação de um traço. A incerteza sobre os correlatos materiais do gene era tão grande que o próprio Morgan oscilou, ao longo de sua carreira, entre posições instrumentalistas e realistas sobre a natureza deste conceito (FALK, 1986).

Na genética clássica, o gene foi entendido inicialmente como uma unidade de função, mutação e recombinação (MAYR, 1982). Mas foi eventualmente mostrado que genes não são unidades nem de recombinação nem de mutação. Assim, terminou por prevalecer a idéia de que o gene seria uma unidade de função (nos termos de BENZER, 1957, um cístron). Inicialmente, os resultados da bioquímica apontavam para o que Gericke e Hagberg (2007) denominam **'gene bioquímico-clássico'** que poderia ter sua função explicada mediante redução à conexão entre um traço fenotípico e uma enzima específica produzida pelo gene. A compreensão de que nem todos os produtos gênicos são enzimas levou a uma mudança da fórmula 'um gene-uma enzima' para 'um gene-uma proteína'. Posteriormente, quando se descobriu que havia proteínas constituídas por várias cadeias polipeptídicas, codificadas por genes distintos, passou-se a usar a fórmula 'um gene-um polipeptídeo'. A compreensão de que RNAs também podem ser produtos gênicos levou, enfim, ao esquema 'um gene-um polipeptídeo ou RNA'. Em todos estes esquemas, preserva-se a idéia de unidade, que é anterior ao próprio conceito de gene, mas foi incorporada a ele, como um de seus aspectos centrais. Subseqüentemente, esta idéia foi ainda mais reforçada pelo modelo de estrutura do DNA proposto por Watson e Crick, em 1953. Este modelo estabeleceu com vigor uma visão realista sobre os genes. Estavam colocadas as bases para a definição de genes a partir de estruturas moleculares, e não mais a partir de traços fenotípicos, bem como para a construção do conceito molecular clássico de gene.

O **conceito molecular clássico** sobrepõe a idéia mendeliana de unidade hereditária ao modelo molecular de gene (FOGLE, 1990), configurando-se, assim, como um modelo híbrido, no sentido de que mistura duas concepções distintas sobre genes. De acordo com ele, o gene é um segmento contínuo cuja seqüência de bases codificantes não sofre interrupções; discreto, por ser uma unidade individual que não se sobrepõe a outros genes; com começo e fim bem definidos; e localização constante. Neste modelo, genes são considerados unidades de estrutura – pelas características descritas acima –, de função – por produzirem um único polipeptídeo ou um único RNA, que, por sua vez, teria uma função única –, e, a partir da incorporação do discurso da informação à biologia, também de informação. O conceito molecular clássico e a **concepção informacional de gene** são freqüentemente sobrepostos no discurso sobre genes. Genes são tipicamente vistos como portadores de informação, em sua seqüência de bases, para produzir um polipeptídeo ou RNA.

O discurso da informação genética favorece, como argumenta Moss (2001, 2003), a mistura indiscriminada de dois conceitos diferentes de gene, **gene-P** ('p' de preformacionista) e **gene-D** ('d' de desenvolvimento). O gene-P corresponde ao entendimento do gene como determinante de fenótipos ou diferenças fenotípicas. Trata-se de um gene definido a partir do fenótipo, sem importar a seqüência de DNA à qual ele corresponde. Trata-se de um construto

instrumental, de natureza clássica, que tem um papel importante em alguns procedimentos da genética, como, por exemplo, a análise de heredogramas, em que falamos de genes para cor do olho azul, para pele albina etc. O gene-D, por sua vez, é um recurso para o desenvolvimento, lado a lado com muitos outros recursos igualmente importantes para a produção de um fenótipo. Pode-se dizer, portanto, que ele é – em termos gerais – indeterminado quanto ao fenótipo, por sua paridade causal com outras biomoléculas, como proteínas, RNAs, oligossacarídeos etc. Genes-D não são, pois, genes para fenótipos. Como é aos genes-D que se pode combinar uma hipótese de correspondência com alguma entidade material, real, torna-se evidente como uma confusão entre este conceito e o de gene-P, ao qual não se pode atribuir realidade, é, como argumenta Moss, uma fonte importante do determinismo genético. A sobreposição entre gene-P e gene-D também está relacionada à visão do DNA como um programa para o desenvolvimento, em que a informação para a construção de um organismo estaria supostamente armazenada na seqüência de bases do DNA. Entendidos dessa forma, os genes continuam a ser vistos como causas determinantes principais ou mesmo únicas do desenvolvimento, não importa quanta evidência exista contra essa idéia (ATLAN & KOPPEL, 1990; STERELNY & GRIFFITHS, 1999; OYAMA, 2000; KELLER, 2000; OYAMA, GRIFFITHS & GRAY, 2001; MOSS, 2003; NEUMANN-HELD & REHMANN-SUTTER, 2006).

Por fim, é preciso ter em conta novos desafios que emergiram na era pós-genômica, que tornam possível formular uma série de idéias que criam dificuldades para a compreensão do gene como uma unidade de estrutura, função ou informação. À luz do conhecimento atual, a informação biológica não se encontra limitada ao e talvez nem mesmo concentrada no DNA, e, por extensão, em genes que poderiam ser demarcados nesta molécula. A informação biológica opera em múltiplos níveis hierárquicos e redes complexas de interações entre os componentes são a regra, de modo que a compreensão da dinâmica e até mesmo da estrutura dos genes requer que estes sejam tratados como partes de redes e vias informacionais complexas (IDEKER, GALITSKY & HOOD, 2001). É esta mudança de perspectiva que se encontra subjacente ao que tem sido chamado de uma ‘biologia de sistemas’, embora não seja ainda claro qual o significado preciso e as implicações metodológicas desta nova ‘perspectiva sistêmica’, não se tendo clareza, por exemplo, se ela de fato está nos afastando da atitude reducionista que caracterizou a biologia do final do século XX ou em que medida ela realmente se aproxima dos postulados de uma teoria geral dos sistemas, tal como elaborada por von Bertalanffy e outros cientistas (BRUNI, 2003; KELLER, 2005; EL-HANI, QUEIROZ & EMMECHE, no prelo). De qualquer modo, neste novo cenário, o gene pode ser visto como uma entidade de existência temporária e descontínua, fortemente dependente de *processos* que têm lugar no contexto celular e extracelular, bem como de fatores epigenéticos, para sua expressão funcional. A depender do contexto de sua expressão, diferentes regiões do DNA podem cooperar de múltiplas formas para gerar diferentes produtos no tempo e espaço, e os produtos gênicos, por sua vez, podem funcionar de maneiras distintas em diferentes circunstâncias intra- e extracelulares.

Face a estas características dos sistemas genéticos e celulares, alguns autores propõem definir um gene como uma seqüência linear de DNA que não tem um papel único no desenvolvimento, mas pode ser relacionado a vários fenótipos, através de diferentes proteínas, produzidas, por exemplo, por *splicing* alternativo. Griffiths e Neumann-Held (1999) incluem estas idéias num ‘conceito molecular contemporâneo de gene’, que, para eles, é ainda uma resposta conservadora, não dando conta das condições epigenéticas necessárias para o desenvolvimento, como, por exemplo, o disparo de vias de sinalização celular específicas, que definem padrões específicos de *splicing* alternativo. Em contrapartida, eles propõem o ‘**conceito molecular processual de gene**’ (*process molecular gene concept*), segundo o qual

o gene não é mais entendido como uma seqüência específica de DNA, mas como todo o processo molecular subjacente à capacidade de expressar um produto gênico particular (ver tb. NEUMANN-HELD 2001). Apesar de implicar problemas que demandam discussão e mais investigação (MOSS, 2001; EL-HANI *et al.*, no prelo), esta perspectiva processual parece ser uma via promissora para reinterpretar o conceito de gene à luz das novas idéias e evidências que vieram à tona na era pós-genômica.

Há ainda outros conceitos que enfatizam a relevância dos processos que mediam a relação entre uma seqüência no DNA e um dado produto gênico, contudo, sem adotar uma visão processual similar àquela de Neumann-Held. É o caso do ‘**conceito sistêmico de gene**’, que, como proposto por Pardini e Guimarães (1992), diz respeito a uma combinação de uma ou mais seqüências de ácidos nucleicos (DNA ou RNA) que corresponde a um produto (polipeptídeo ou RNA), mas que só é definida num determinado contexto de um sistema, que pode ser a célula, ao interagir com o ambiente, ou o próprio ambiente, no caso de sistemas subcelulares ou pré-celulares. Assim, uma seqüência no DNA pode ter múltiplos significados, cada um respectivo a um contexto específico no qual ele se insere.

Uma idéia semelhante foi proposta por Fogle (1990, 2000), que sugere que **genes** sejam tratados **como conjuntos de domínios no DNA**, entendendo-se por ‘domínio’ uma seqüência de nucleotídeos que pode ser distinguida de outras seqüências com base em suas propriedades estruturais e/ou atividades, como, por exemplo, éxons, íntrons, promotores, *enhancers*, operadores etc. Os domínios podem ser combinados de várias maneiras para formar, nos termos de Fogle, um ‘Conjunto de Domínios para Transcrição Ativa’, ou, nos termos mais correntes, um gene. Na visão desse autor, dessa forma seria possível assimilar a complexidade e diversidade da arquitetura genética, abandonando-se a necessidade de encontrar uma unidade única para delimitar uma região de informação genética, ou, dito de outra maneira, superando-se a sobreposição da idéia mendeliana de unidade e da compreensão molecular das bases da herança que se afirmou no conceito molecular clássico de gene. Esta seria, pois, uma maneira de afinal colocar à parte do conceito de gene a idéia de unidade, que dá vez a boa parte dos problemas atualmente enfrentados por aquele conceito. Além disso, nos termos propostos por Fogle, genes não seriam entidades a serem encontradas no DNA. No DNA, haveria domínios, a partir dos quais genes seriam construídos por comunidades de pesquisadores como alvos da investigação ou ‘objetos epistêmicos’, conforme definidos por Rheinberger (2000).

Dentro desta mesma perspectiva de que o significado de um gene para seu intérprete, a célula, ou a significância biológica de um gene, não pode ser encontrada nas seqüências de DNA em si mesmas, mas apenas no contexto em que estas se inserem, El-Hani, Queiroz e Emmeche (2006) empregam a teoria pragmática do signo de C. S. Peirce como moldura teórica para construir um entendimento de **genes como signos** e da informação genética como semiose, ou seja, a ação de signos dentro de uma célula. Quando genes são tratados como signos, o foco da argumentação reside na idéia de que eles só podem ter qualquer efeito numa célula através de um *processo triádico*, entendido como *informação genética*, em oposição a uma visão mais usual, que atribui informação a seqüências de nucleotídeos no DNA ou RNA, independentemente de quaisquer outros elementos celulares. Numa visão semiótica peirceana, a informação genética passa a ser entendida como um *processo* que não reside em ácidos nucleicos apenas, mas envolve uma *relação irreduzível entre três elementos*: um *Signo*, que é um segmento de DNA que, a partir de uma determinação supragenética, que ocorre no nível celular ou mesmo acima dele, é transcrito em uma ou mais moléculas de RNA, que são processadas e, no caso de genes codificantes de proteínas, traduzidas em seqüências de aminoácidos de polipeptídeos; o *Objeto* do Signo, no caso de genes codificantes de proteínas, uma seqüência linear de aminoácidos e, no caso de genes de RNA, uma seqüência linear de

ribonucleotídeos; e o *Interpretante* do Signo, que é seu espectro de interpretabilidade, i.e., as possibilidades de reconstrução de seqüências de aminoácidos ou ribonucleotídeos a partir daquele signo no DNA (para maiores detalhes, sugerimos consulta ao trabalho original).

Por fim, outro conceito relevante para nossa análise é o de ‘**gene evolutivo**’, que foi introduzido por Williams ([1966]1996) e elaborado por Dawkins (1982). De acordo com este conceito, o gene é um segmento qualquer de DNA, que começa e termina em pontos arbitrários de um cromossomo, e compete com segmentos alelomórficos pela região do cromossomo em questão. Trata-se de um conceito que enfatiza que servir como unidade de seleção pode ser uma função do gene, tendo sido bastante influente na biologia evolutiva, apesar das críticas lançadas contra ele (ver GRIFFITHS & NEUMANN-HELD 1999; STERELNY & GRIFFITHS 1999) e da diminuição de sua influência em anos recentes.

Metodologia

Investigamos a mesma amostra de 18 obras didáticas de Biologia (10 em volume único e 8 coleções de três volumes) analisadas pela equipe de Biologia do PNLEM/2007.¹ Os resultados aqui relatados não são parte, contudo, daquela análise. Todos os capítulos dos livros foram analisados com base em técnicas de análise de conteúdo (BARDIN, 2000). Em particular, utilizamos a *análise categorial*, a qual envolve operações de desmembramento do texto em unidades, as categorias, que são construídas segundo reagrupamentos analógicos – reagrupamentos de elementos do texto que compartilham certos caracteres –, cujo critério caracterizador pode ser sintático (ocorrência de signos lingüísticos precisos) ou semântico (ocorrência de um mesmo significado num dado contexto). Num primeiro momento, realizamos uma leitura de sondagem do conteúdo dos livros para o planejamento das operações de recorte do texto, tratamento dos dados e categorização. Essa análise piloto nos forneceu uma primeira impressão a respeito dos conceitos de genes presentes nos livros.

Optamos pelo recorte de unidades de significação complexas, os temas. Diferente do recorte lingüístico, de palavras ou frases precisas, que visa, em geral, constatar a pura existência e a frequência de um dado material lingüístico, o recorte de temas se preocupa com o sentido de dado conteúdo do texto e a variação deste sentido em diferentes contextos. Nossos temas consistem de excertos (frases condensadas, resumos, afirmações ou alusões) nos quais os autores exprimem idéias a respeito de unidades perceptíveis, como as palavras ‘gene’ e ‘DNA’.

Com base na fase exploratória, as seguintes categorias de conceitos de gene foram usadas na análise das idéias sobre genes apresentadas pelos livros didáticos: ‘gene molecular clássico’; ‘gene informacional’; ‘gene-P’ e ‘gene-D’ (ambos *sensu* MOSS, 2001, 2003); ‘gene mendeliano’, ‘gene clássico’ e ‘gene bioquímico-clássico’ (*sensu* GERICKE & HAGBERG, 2007). Estas categorias foram explicadas acima, podendo ser identificadas pelos termos em negrito na seção que apresenta os marcos teóricos do presente estudo, tendo sido informadas pela literatura histórica e filosófica sobre conceitos de gene. Elas não são nem ‘pré-categorias’, obtidas somente a partir dos marcos teóricos assumidos no presente trabalho, nem ‘pós-categorias’, construídas apenas à luz da exploração dos livros didáticos. Trata-se de um produto intermediário que consideramos bastante adequado para o tipo de pesquisa que empreendemos, que não pode, de um lado, declinar do aprofundamento da compreensão da diversidade de conceitos de gene que somente um estudo do conhecimento acumulado a este respeito poderia dar, e, de outro, não pode somente impor categorias construídas previamente

¹ Para simplificar a redação e manter uso de expressão tipicamente empregada na literatura, neste artigo nos referimos a ‘livros didáticos’ mesmo quando estamos tratando, na verdade, de coleções de três livros.

à realidade investigada, o que foi evitado pela construção das categorias na fase exploratória da análise, descrita acima. Podemos compreender este procedimento como uma espécie de diálogo entre conhecimento acadêmico acumulado sobre conceitos de gene e o conhecimento escolar veiculado nos livros didáticos, mediado, claro, pela pesquisadora que realizou o estudo exploratório dos livros.

Num protocolo elaborado para cada livro, além dos excertos que poderiam conter conceitos de gene e idéias sobre função gênica condizentes com as categorias de análise referidas acima, catalogamos: referências a diferentes tipos de seqüências de DNA; menções a desafios ao conceito molecular clássico, sobretudo, o *splicing* alternativo; reconhecimento das dificuldades trazidas por estes desafios; conceito de informação genética; metáforas e analogias sobre genes e DNA. Estes excertos constituem os dados brutos das análises apresentadas no presente artigo. Para aumentar a validade interna, foram feitas várias verificações dos dados brutos e das interpretações. A natureza e o tamanho da amostra analisada conferem validade externa ao estudo, no que diz respeito aos livros didáticos de biologia do ensino médio publicados no Brasil.

No presente artigo, enfocaremos, em particular, os conceitos de gene e as idéias sobre função gênica encontradas nos livros didáticos.

Resultados e discussão

A Figura 1 sumaria os resultados obtidos no que diz respeito aos conceitos de gene presentes nos livros didáticos de biologia do ensino médio analisados no presente estudo. Pode-se observar, primeiro, que o conceito de gene-P (mais precisamente, a menção de ‘genes para’ um traço) se mostrou prevalente em 16 das 18 obras analisadas. A alta freqüência deste conceito se deve, em grande parte, ao conteúdo extenso dos capítulos de genética, sobretudo de genética clássica, em que aparecem muitos exemplos de análises de genealogias/heredogramas e de probabilidades de herança de fenótipos. O conceito de gene-P é, afinal, particularmente empregado no contexto de tais análises. As ocorrências do gene-P podem ser exemplificadas pelo seguinte excerto:

“[...] Para desenvolvê-la, a pessoa precisa ter as duas cópias do gene para fibrose cística alteradas, tanto a proveniente da mãe quanto a proveniente do pai” (LD1², Vol. 1, p. 116).

O conceito molecular clássico foi o segundo mais freqüente em 16 das 18 obras (Figura 1). Esse resultado pode ser considerado até mesmo mais relevante do que a predominância do gene-P, uma vez que o gene molecular clássico permeia o conteúdo de biologia das três séries do ensino médio e seu número de ocorrências é relativamente elevado em todos os contextos em que genes são discutidos, e não apenas em trechos que tratam de procedimentos específicos da pesquisa genética, como no caso do gene-P. Além disso, na maioria das vezes em que genes são definidos explicitamente pelos livros didáticos, o conceito molecular clássico é empregado. A seguinte passagem oferece um exemplo de ocorrência do gene molecular clássico:

“Um gene corresponde à porção da molécula de DNA capaz de codificar a síntese de uma proteína. De acordo com a seqüência de bases nitrogenadas que possui nos nucleotídeos que o constituem, o gene determina a seqüência de aminoácidos na molécula protéica produzida” (LD17, Vol. 1, p. 81).

² Os livros didáticos são indicados ao longo do artigo por códigos. Ao final do artigo, os livros são listados, com seus respectivos códigos.

A Figura 1 também mostra que a freqüência da concepção informacional do gene é elevada na maioria dos livros analisados, chegando a aparecer como a idéia mais prevalente em dois deles. A ocorrência da ‘concepção informacional de gene’ pode ser ilustrada pela seguinte passagem:

“Cada gene é um segmento da molécula de DNA e contém a informação para a síntese de uma molécula de RNA, que poderá codificar determinado polipeptídeo ou proteína” (LD14, Vol. Único, p. 436).

Não obstante, apenas cinco das 18 obras definem ‘informação genética’, limitando-se à idéia de que esta corresponde à seqüência de nucleotídeos em moléculas de DNA que codificam polipeptídeos ou RNAs. Não é claro, contudo, que a informação nos sistemas genéticos possa ser reduzida a seqüências de substâncias químicas, sendo antes o caso de que o termo ‘informação’ não tem, em termos gerais, significado claro e preciso na biologia, pela ausência de uma teoria da informação biológica (GRIFFITHS, 2001; STOTZ *et al.*, 2004; EL-HANI *et al.*, 2006). Além disso, em todas as obras, a informação nos sistemas biológicos é restrita aos genes e/ou ao DNA, não se reconhecendo a possibilidade de outras estruturas celulares serem consideradas ‘informacionais’ (*cf.* KELLER, 2000).

O conceito molecular clássico, a concepção informacional e o gene-P apareceram, em 39% do total de ocorrências dessas três categorias, superpostos nas mesmas passagens, como ilustra o

“O núcleo das células contém filamentos chamados cromossomos, que possuem genes com todas as informações. Há genes para a cor dos olhos e da pele; para a produção de hormônios e de enzimas do aparelho digestório; até mesmo para produzir as substâncias químicas que dão origem ao impulso nervoso [...] Os genes são compostos em média, por mil pares de nucleotídeos que aparecem em uma seqüência específica na molécula de DNA” (LD7, Vol. 2, p. 86).³

³ Note-se que esta estimativa do tamanho médio dos genes não se sustenta.

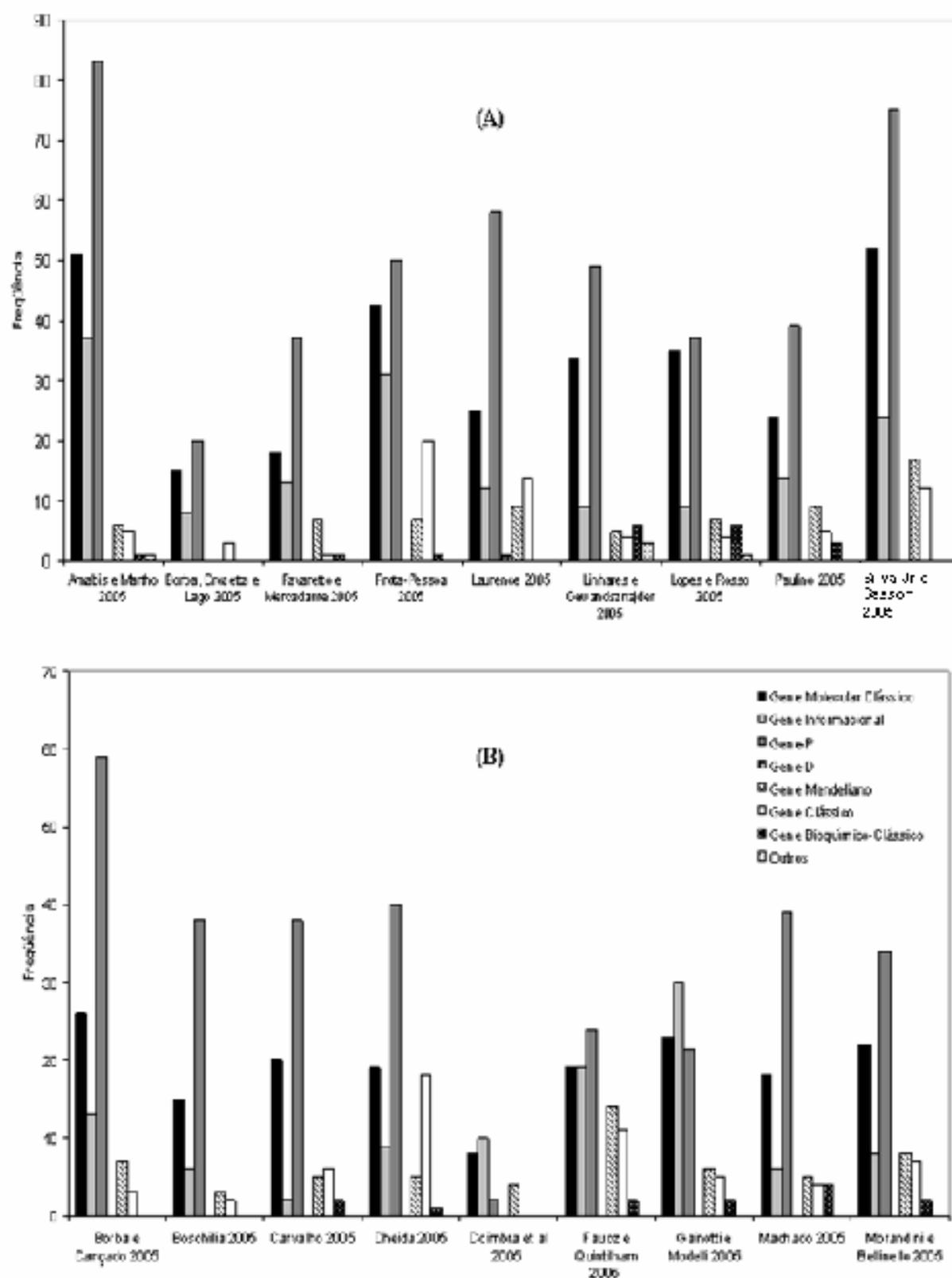


Figura 1. Frequência de conceitos de gene nas obras de biologia de ensino médio analisadas. (A) Obras recomendadas e (B) obras excluídas, na avaliação do PNLEM.

O entendimento da relação genótipo-fenótipo presente nesta passagem está intimamente relacionado com a compreensão do DNA como um ‘programa para o desenvolvimento’, no qual toda a instrução para construir um ser vivo estaria depositada. Conforme El-Hani, Queiroz e Emmeche (2005) discutem, quando a informação é concebida dessa forma, o “DNA se torna um tipo de reservatório do qual toda ‘informação’ numa célula flui e ao qual ela deve ser, em última análise, reduzida” (p. 4).⁴

Este modo de compreender o desenvolvimento tem sido objeto de muitas críticas (e.g., NIJHOUT, 1990; SARKAR, 1996; EL-HANI, 1997; OYAMA, 2000; KELLER, 2000) e é uma das fontes mais importantes das visões deterministas genéticas, tanto na comunidade científica, quanto no domínio público. Nossos resultados indicam que os livros didáticos de biologia do ensino médio têm contribuído para a construção e perpetuação na sociedade deste discurso determinista sobre genes e seu papel nos sistemas biológicos. Afinal, este discurso está presente em quase todas as obras analisadas (17 das 18 obras), como o seguinte trecho ilustra:

*“A estrutura conhecida como **gene** corresponde a um segmento ou pedaço da molécula de DNA... Nos genes estão as informações responsáveis pelas características do indivíduo, como a cor dos olhos, a cor dos cabelos, a forma do nariz e, no caso de uma aranha, até mesmo o tipo de teia que ela tece para capturar suas presas. Desse modo, o DNA funciona à semelhança de um programa de computador e o organismo corresponderia a um computador que trabalhasse segundo as ordens do DNA” (LD13, p. 14).*

Examinando a Figura 1, podemos ver ainda que os genes mendeliano, clássico e bioquímico-clássico foram menos frequentes. Em geral, estas explicações de gene apareceram no contexto de descrições da história da biologia, como ilustram os seguintes exemplos, concernentes ao gene mendeliano:

“Quando Mendel propôs o seu modelo para a hereditariedade, os fatores hereditários (genes) eram entidades puramente abstratas: ninguém, na verdade, sabia ao certo onde se encontravam, nem que processo fazia com que existissem duas ‘doses’ de cada gene nas células somáticas e uma ‘dose’ apenas nos gametas” (LD11, p.278).

*“Mendel não vê os fatores cuja existência postula, apenas **deduz** sua presença pela análise dos cruzamentos” (LD18, Vol. 3, p.14).*

Entre os exemplos de ocorrência do gene clássico, podemos citar:

⁴ Se o DNA ‘faz’ alguma coisa, ele a ‘faz’ inexoravelmente na interação com subsistemas interpretativos que, por conseguinte, também são condições necessárias para a compreensão do que seja ‘informação genética’. Assim, não há justificativa para as asserções de que o DNA contém as informações para a construção de um organismo, funcionando como um programa para o desenvolvimento ou controlando o metabolismo através de seu alegado conteúdo informacional para a produção de RNAs e polipeptídeos. Nijhout (1990) ressalta que o emprego de metáforas que atribuem função de controle e programação ao genoma não só dificulta a compreensão do real significado dos genes no desenvolvimento, mas extrapola a questão semântica ao instalar prioridades de pesquisa e, em certa medida, limitar o campo de investigação do desenvolvimento biológico. Cumprindo um papel comum das analogias em geral, as metáforas informacionais certamente foram oportunas e quiçá imprescindíveis para expressar nossas conjecturas sobre mecanismos e causalidades inerentes a processos complexos, como o desenvolvimento e a evolução biológica. Apesar de seu provável heurístico inicial na biologia, se seu emprego deixou de ser profícuo é, atualmente, motivo de grande controvérsia. Um dos caminhos mais promissores para o discurso da informação na biologia sustenta que este não é essencialmente metafórico, e sim um instrumento imprescindível à captura de características básicas dos organismos que são negligenciadas num arcabouço teórico alicerçado meramente em reações bioquímicas. No entanto, um significado mais preciso do termo ‘informação’ demanda uma teoria da informação biológica que ainda não foi construída (GRIFFITHS, 2001; STOTZ *et al.*, 2004; cf. EL-HANI *et al.*, 2006).

“[...] os ‘fatores de Mendel’ (os genes) deveriam estar contidos nos cromossomos. Desta forma, propuseram formalmente que os cromossomos continham os genes. A Teoria cromossômica da herança é um dos fundamentos da genética e explica o local onde se encontra o suporte físico dos princípios mendelianos” (LD8, Vol. 1, p. 51).

“No começo do século XX, a Ciência encontrou os fatores hereditários no interior dos cromossomos das células, os genes” (LD6, p. 283).

Por sua vez, o gene bioquímico-clássico pode ser exemplificado pela seguinte passagem:

“Existem [...] espécies que formam hifas, como ocorre com a Neurospora crassa. Esta tornou-se clássica nos experimentos de Genética no início dos anos 1940 como modelo experimental em que os pesquisadores George Beadle e Edward Tatum propuseram que cada gene era responsável pela formação de uma enzima (um gene-uma enzima), tendo recebido por isso o prêmio Nobel em 1958” (LD14, p. 231).

Fora do contexto histórico, os genes mendeliano, clássico e bioquímico-clássico aparecem em versões atualizadas, sobrepostos, sobretudo, ao conceito molecular clássico. Em 13 das obras analisadas, este último conceito é freqüentemente sobreposto ao gene mendeliano, quando o primeiro é descrito como unidade hereditária. Um exemplo é encontrado na seguinte passagem:

“Genes são apenas segmentos de DNA. Porém, são segmentos bem específicos que controlam as estruturas e funções celulares. Eles são considerados a unidade funcional da herança biológica; são a seqüência de bases que usualmente codificam para uma seqüência de aminoácidos” (LD8, Vol. 3, p. 15).

Em outro exemplo, LD17, embora defina no glossário gene como um segmento de DNA para a síntese de proteína, sobre põe o conceito molecular clássico ao gene mendeliano ao definir cromossomo:

“Cromossomo - É constituído de cromatina e contém os genes, que são as unidades hereditárias do organismo” (p. 311).

Similarmente, há exemplos de gene molecular clássico sobreposto ao gene clássico, quando genes são definidos como segmentos de DNA que se organizam em série, como as contas de um colar, ou como partículas que se enfileiram nos cromossomos – o que também traz implícita a idéia mendeliana de unidade. Como exemplos, podem ser citados os seguintes trechos:

“Por intermédio da hereditariedade, os pais transmitem suas características genéticas para os filhos [...] A semelhança é determinada pelo DNA (ácido desoxirribonucléico), uma molécula linear que contém os genes, as partículas que transmitem esses padrões hereditários” (LD15, p. 15).⁵

“Os genes estão enfileirados nos cromossomos como as contas de um colar” (LD9, p. 143).

A visão de que o gene é, ao mesmo tempo, uma partícula e uma seqüência de nucleotídeos no DNA é incongruente e pode resultar em ambigüidades, configurando, assim, um exemplo de como o uso de modelos híbridos de função gênica – aqui manifestos na sobreposição de diferentes conceitos de gene – pode prejudicar a compreensão dos estudantes. Nas

⁵ Note-se também no mesmo trecho a presença de uma visão determinista da relação genótipo-fenótipo.

considerações finais deste artigo, voltaremos a tratar dos problemas associados ao uso de modelos híbridos de genes e função gênica.

Por fim, a ocorrência do gene-D foi rara nas obras analisadas (ver Figura 1), o que é compreensível, visto que a idéia de gene como recurso desenvolvimental está vinculada a uma abordagem recente na filosofia da biologia, que ainda não tem ampla circulação entre geneticistas e biólogos moleculares, a saber, a teoria dos sistemas desenvolvimentais (STERELNY & GRIFFITHS, 1999; OYAMA, 2000; OYAMA *et al.*, 2001). Pitombo, Almeida e El-Hani (2008a,b) apresentam resultados de uma análise de conceitos de gene em livros textos de biologia celular e molecular do ensino superior e também apontam para uma pequena ocorrência do conceito de gene-D. Logo, a ausência desse conceito no ensino médio é naturalmente esperada. Nos exemplos de gene-D encontrados em nossa análise, está implícita a idéia do gene como mera possibilidade herdada para uma característica, em virtude de sua interação com outros fatores – epigenéticos e ambientais – com os quais tem paridade causal, como exemplificado numa passagem do LD12, que explicita a condição do DNA como mero *potencial* herdado para uma característica:

“Todo indivíduo traz, portanto, a possibilidade de desenvolvimento de uma série de características, cuja manifestação é influenciada ou condicionada pelo ambiente” (p. 678).

Trata-se de um afastamento muito interessante da tendência geral dos livros analisados de favorecer visões deterministas genéticas, as quais têm conseqüências graves no que tange à compreensão dos sistemas genéticos e de sua relação com o desenvolvimento e as características fenotípicas. Como discutido acima, estas visões devem ser consideradas seriamente quando se pensa numa educação científica voltada para o exercício crítico da cidadania e uma compreensão adequada das relações complexas entre ciência, tecnologia e sociedade. Levando-se em conta que o discurso sobre genes é hoje importante ferramenta de formação da opinião pública no que diz respeito a temas de grande relevância social, que é, ademais, um instrumento de retórica para diversos fins, cabe reduzir a enorme defasagem entre o conhecimento científico atual e a apresentação da pesquisa genômica para o público na imprensa geral e nas diferentes etapas da recontextualização didática. É bastante salutar a ênfase sobre a complexidade e o grau de indeterminação inerente à intrincada rede celular e orgânica que intervém no caminho que leva da informação genética ao fenótipo, envolvendo sistemas epigenéticos e fatores ambientais. Pode-se deslocar, desse modo, uma compreensão moldada numa visão já ultrapassada dos sistemas genéticos e de sua relação com outros níveis da organização biológica, que pode valer no caso de síndromes genéticas como a distrofia muscular de Duchenne, mas não pode ser estendida como modelo geral para a compreensão dos genes e da informação em seres vivos.

Alguns conceitos de gene tiveram ocorrência insignificante ou não foram encontrados nos livros analisados (categoria ‘Outros’, na Figura 1). Um exemplo é o ‘gene evolutivo’, cuja ausência não surpreende, visto que a evolução não cumpre papel organizador do conhecimento biológico na amostra de livros avaliados no PNLEM/2007, como discutem Rocha e colaboradores (ROCHA *et al.*, 2007), e este conceito teve sua influência historicamente restrita à biologia evolutiva. Entre os conceitos raros ou ausentes, também podemos citar algumas idéias mais recentes sobre genes, formuladas na biologia ou na filosofia da biologia e que podem ser inseridas no modelo Moderno de função gênica, de acordo com a classificação de Gericke e Hagberg (2007), tais como: o ‘conceito molecular processual de gene’; o ‘conceito sistêmico de gene’; os genes entendidos como conjuntos de domínios no DNA; e a compreensão de genes como signos. Estes conceitos buscam capturar importantes aspectos da complexidade e diversidade genômica e sua abordagem em livros

didáticos de ensino médio, quando fosse possível sua recontextualização didática e mesmo sem maior aprofundamento, poderia levar a uma melhor compreensão da natureza e da dinâmica dos sistemas genômicos.

Idéias sobre genes e função gênica aparecem em diferentes contextos dentro das obras analisadas. Nos glossários, as informações sobre genes são sucintas e, em geral, o gene é descrito como segmento de DNA com informação para uma proteína e, menos freqüentemente, com informação para um traço. Nos capítulos de introdução à biologia, à origem e à diversidade da vida, predomina fortemente a concepção informacional, enquanto a idéia de gene como segmento de DNA que codifica um produto funcional também é abordada, mas de maneira secundária. Os contextos em que são tratados conteúdos de biologia celular e molecular trazem maior sobreposição entre o gene molecular clássico e a concepção informacional, e a menor ocorrência de visões deterministas sobre a etiologia dos traços. Nestes contextos, são enfatizados, de maneira causal e mecanicista, os processos que resultam na transcrição de RNAs e tradução de polipeptídeos. Quando conteúdos de genética são abordados, é elevado o número de ocorrências de definições do gene como ‘segmento de DNA com informação para um traço fenotípico’, o que mostra a prevalência do determinismo genético neste contexto. Trata-se, ainda, do contexto em que o conceito de gene-P é mais freqüente. Mas este é também o contexto em que fatores não-genéticos passam a ser considerados, aplicando-se a fórmula ‘fatores ambientais + fatores genéticos resultam num traço/produto/função’. Isso mostra como este modo de reconhecer o papel do ambiente, por privilegiar a compreensão da relação genes-ambiente de maneira aditiva, não é suficiente para que se deixe de lado o determinismo genético (cf. EL-HANI, 1995).

A abordagem de desafios ao conceito molecular clássico nas obras analisadas mostrou as seguintes freqüências: DNA não-codificante (10 obras); genes interrompidos e *splicing* (9); ‘DNA lixo’ (7); seqüências regulatórias, principalmente promotores (5); genes repetidos (5); genes nidados e superpostos (3); *splicing* alternativo (3); edição de RNA e transposons (1).

Um ponto que merece destaque é o uso da expressão ‘DNA lixo’ para descrever seqüências de DNA não-codificante, uma vez que esta expressão não é apropriada, por se tratar de uma metáfora que negligencia e desvaloriza qualquer outro tipo de função adicional à codificação de RNAs e proteínas que as seqüências de DNA possam ter, sobretudo funções regulatórias, que têm sido detectadas com freqüência cada vez maior em regiões não-codificantes. Um aspecto positivo, entretanto, é que, das sete obras que utilizam esta expressão, quatro vão além da afirmação de que se trata de seqüências de DNA que ‘não correspondem a genes’ e ‘sem função’, e reconhecem a inadequação desse termo, como a seguinte passagem exemplifica:

“Cerca de 95% do DNA das células humanas é chamado de ‘DNA-lixo’, pois suas seqüências não correspondem a genes. No entanto, esse termo pode passar a impressão de que a maior parte do DNA humano não tem função; o mais correto seria afirmar que os cientistas não compreendem completamente sua função” (LD12, p. 654).

Enquanto a maioria dos desafios ao gene molecular clássico é mencionada de forma sucinta pelos livros, o processo de *splicing* é o que apresenta, relativamente, o melhor tratamento, incluindo desde a explicação do que são éxons e íntrons, passando pelas implicações da presença de íntrons para a síntese protéica, até a excisão de íntrons e a emenda de éxons no processamento de RNA. Metade das obras analisadas (9) trata dos genes interrompidos. Contudo, apenas três abordam o *splicing* alternativo e somente duas destas discutem suas implicações para a compreensão do que são genes. Para facilitar a recontextualização didática do tema, alguns autores recorrem a metáforas informacionais, como o seguinte trecho ilustra:

“Portanto, o que comanda a síntese da proteína é a mensagem codificada no RNA, depois da exclusão dos íntrons, e não a do DNA. É como se mandássemos um artigo para um jornal, traduzido do inglês para o português, com vários pedaços de letras embaralhadas, que não fazem sentido, entremeadas ao texto correto, obrigando o redator a cortar os trechos incompreensíveis (íntrons) e colar, em ordem, os outros trechos (exons), notando que a continuidade não foi prejudicada” (LD10, Vol. 3, p. 36).

Uma das abordagens mais completas é encontrada no LD1. Os autores se referem à inexistência de “[...] colinearidade entre as cadeias polipeptídicas e os segmentos de DNA que as codificam” e comentam que “a instrução para a síntese de proteínas nos genes eucarióticos é geralmente interrompida por trechos da molécula que não codificam aminoácidos” (p. 144). Citam a origem dos termos ‘éxon’ e ‘íntron’, utilizam o termo ‘*splicing*’, mas apresentam tradução como ‘emenda e corte’. Afirmam também que a molécula de RNA recém-sintetizada sofre uma série de modificações até ser transformada no RNAm, mas que a remoção dos íntrons é a mais importante. Eles mencionam até mesmo o complexo enzimático que catalisa o *splicing* (spliceossomo) e descrevem sucintamente as etapas por meio das quais esse complexo se liga ao RNA e remove os íntrons. Por fim, introduzem o *splicing* alternativo, colocando a questão sobre a vantagem evolutiva da presença de íntrons (pp. 144-147). Além disso, comentam as implicações desse fenômeno para nossa compreensão do que são genes (ver abaixo).

Consideramos satisfatória a abordagem dos genes interrompidos e do *splicing* em seis das nove obras recomendadas na avaliação do PNLEM: LD1, LD10, LD12, LD14, LD17 e LD18. Contudo, a abordagem do *splicing* alternativo e, sobretudo, o reconhecimento desse processo como um desafio crucial (ver SANTOS, 2005; EL-HANI, 2005, 2007; SOLHA & WAIZBORT, 2007) à idéia geral de unidade – seja estrutural, funcional ou informacional – implícita no conceito molecular clássico de gene parece ainda incipiente, uma vez que aparece em apenas dois livros.

Em uma das obras, encontramos uma abordagem do *splicing* alternativo que não traz um reconhecimento do desafio que este coloca para o gene molecular clássico:

“[...] hoje há vários indícios de que, em alguns casos, um mesmo gene, trabalhando em células diferentes, é capaz de produzir mais de um tipo de proteína [...] pelo fato de existir mais de uma forma de cortar o mesmo pré-RNA, o que resultaria, em cada caso, em segmentos diferentes utilizados como éxon” (LD18, Vol. 1, p. 262).

Considerando que esses autores caracterizam gene como um “*Segmento da molécula de DNA, no qual está codificada uma característica hereditária*” (Glossário, Vol. 1, p. 393) e não mencionam a existência de controvérsias sobre o estatuto dos genes ao fazerem alusão ao *splicing* alternativo, pode-se afirmar que eles conciliam o desafio trazido por esse fenômeno com a idéia de unidade no DNA. Desta maneira, estes autores assimilam, em última análise, o *splicing* alternativo, de tal maneira que ele termina por não suscitar qualquer questionamento quanto ao modo como eles explicam os genes e sua relação com o fenótipo.

Por sua vez, os outros dois livros que tratam do *splicing* alternativo colocam em questão a compreensão dos genes a partir do exame desse fenômeno:

“Com o seqüenciamento do genoma humano, os pesquisadores encontraram, no entanto, evidências de que o DNA funciona de maneira mais complexa do que se imagina. Um único gene pode, por exemplo, produzir três tipos diferentes de RNAm, cada um codificando a produção de uma proteína diferente. É como se

existissem genes dentro de genes! Além disso, uma mesma molécula de RNAm pode sofrer alterações após a transcrição, também resultando em proteínas diferentes” (LD12, p. 656).

“Os cientistas descobriram que uma mesma molécula de pré-RNA mensageiro pode sofrer tipos diferentes de splicing em diferentes tipos celulares. Em outras palavras, nos diferentes tipos de células pode haver diferentes tipos de segmentos eliminados, de modo que o mesmo pré-RNA mensageiro é cortado e montado de diferentes maneiras, dependendo do tipo de célula. Esse fenômeno é chamado de splicing alternativo” (LD1, 2005, p. 147).

O LD1 afirma ainda que mais de 60% dos genes humanos apresentam *splicing* alternativo e que esta seria a causa da ‘disparidade’ entre seu genoma e proteoma (p. 148). O gene DSCAM de drosófila é citado como um dos casos mais notáveis de *splicing* alternativo, no qual a combinação diferencial de 115 éxons possibilita a produção de milhares de proteínas. Por fim, apresentam um texto extraído de ‘O século do gene’, de Evelyn Fox-Keller (2000), que coloca explicitamente o problema do conceito de gene entendido como unidade de estrutura e função e discute genes interrompidos, seqüências repetitivas de DNA, genes superpostos, DNA críptico, transcrição reversa, genes nidados e promotores múltiplos. Além disso, trata-se de um texto que chega a propor que talvez o termo ‘gene’ deva ser abandonado, cunhando-se novas palavras para desempenhar os papéis dos quais aquele termo tem sido incumbido na estrutura do conhecimento biológico.⁶

Considerações Finais

Em nossa análise de 18 livros didáticos de biologia do ensino médio publicados no Brasil e avaliados pelo PNLEM/2007, foi possível verificar que, ao privilegiarem determinados aspectos dos fenômenos de transmissão do material genético e da função gênica, os autores estão, ao mesmo tempo, negando ou silenciando muitos outros. Como ressaltam Nascimento e Martins (2005), o que ‘não é dito’ é altamente relevante, como elemento de análise do discurso, ou seja, trata-se de um silêncio com significado, não se limitando às palavras enunciadas o papel de condicionar a atribuição de sentidos pelos sujeitos que interagem discursivamente. Dito de outra maneira, quando não dizemos certas coisas, também estamos influenciando o processo de atribuição de significados de nossos interlocutores. Na maioria dos livros analisados, o reconhecimento de que alguns fenômenos que são discutidos por eles correspondem a desafios ao gene molecular clássico constitui uma ausência notável. O mesmo pode ser dito do próprio reconhecimento da existência de debates sobre genes, ou da ausência de referência à importância do contexto intracelular e extracelular, bem como de processos de sinalização celular, para a compreensão da expressão e função gênicas. Não nos parece que esses aspectos não possam ser recontextualizados como parte do conhecimento escolar do ensino médio, como sugere, inclusive, a existência de livros que o fazem na amostra analisada. Além disso, trata-se de aspectos cuja recontextualização didática se mostra importante, na medida em que colocam em questão a visão determinista genética que perpassa o discurso sobre genes em variados contextos sociais.

Nossos resultados apontam que, em livros didáticos de biologia do ensino médio, predominam as explicações de genes no DNA: (i) como informação para um fenótipo, (ii)

⁶ Em artigo posterior, Keller (2005) não se compromete mais com a idéia de que o termo ‘gene’ deveria ser abandonado. Esta idéia foi rechaçada pela maioria dos autores que comentaram seu livro de 2000 (COYNE, 2000; MAGURRAN, 2000; MAYNARD SMITH, 2000; HALL, 2001; WILKINS, 2002; MOYLE, 2002). Curiosamente, um pesquisador brasileiro manifestou, em artigo publicado na *Ciência Hoje*, concordância com a posição anterior de Keller (RIOS, 2004).

com a função de determinar as características dos organismos, e (iii) com a função de produzir um polipeptídeo ou RNA. Por um lado, o foco na previsão de fenótipos a partir de genótipos e, logo, no gene-P se concentra na descrição de procedimentos da genética clássica e da genética médica, cujo conteúdo é extenso nos livros do ensino médio. Por outro, a concepção informacional e o conceito molecular clássico de gene estão difundidos numa ampla diversidade de contextos, ainda que (i) uma série de recentes descobertas desafie o gene molecular clássico, (ii) a maioria dos livros sequer defina o que entende por ‘informação genética’, e (iii) não haja um significado claro para este conceito na biologia atual. Os livros, com algumas notáveis exceções, não utilizam achados recentes da genética, biologia molecular e genômica para desafiar estas idéias largamente difundidas sobre genes. Assim, as concepções de gene informacional, gene molecular clássico e gene-P estão fortemente presentes e se mostram intimamente relacionadas no ensino médio. Isso conduz à construção de modelos híbridos de genes e função gênica, ou seja, a uma mistura indiscriminada de idéias construídas em distintos contextos históricos e discursivos, como se fossem partes de um único discurso coerente sobre genes, quando não é este o caso (ver GERICKE & HAGBERG, 2007). Além disso, combinada a estes modelos híbridos, temos uma forte predominância de visões deterministas da relação genótipo-fenótipo.

O principal problema com o uso de modelos híbridos é que eles trazem dificuldades para a compreensão da natureza dos modelos científicos e do contexto histórico de sua construção, tendo sérias conseqüências, pois, para a compreensão da natureza da ciência, e, além disso, podem facilmente levar a confusões semânticas e ambigüidades na compreensão de um dado conteúdo. Este argumento contrário ao uso de modelos híbridos não implica, entretanto, a necessidade de adoção de um único e abrangente modelo ou conceito de gene, que inclua toda a diversidade de significados e funções epistêmicas conectada a esse termo. Trata-se, antes, de uma proposta de coexistência de uma diversidade de conceitos e modelos de ‘gene’, mas com domínios bem delimitados de aplicação (EL-HANI, 2007). Contudo, assim como ocorre atualmente na comunidade científica (STOTZ *et al.*, 2004; GERICKE & HAGBERG, 2007), observamos que os livros analisados não delimitam os domínios de aplicação para os diferentes conceitos e modelos de gene, levando a uma sobreposição entre visões mais antigas (‘clássicas’) e atuais sobre genes, o que acarreta uma série de dificuldades de compreensão e favorece visões deterministas. Ressaltamos ainda que, mesmo na comunidade científica, sobreposições de significados e hibridização dos modelos de função gênica ocorrem numa extensão muito mais limitada do que a que vemos nos livros didáticos.

Pitombo, Almeida e El-Hani (2008a,b), numa análise de idéias sobre genes em livros-texto de biologia celular e molecular do ensino superior, encontraram resultados semelhantes: (i) a despeito dos desafios ao conceito molecular clássico e das dificuldades quanto ao significado da concepção informacional de gene, ambos são amplamente empregados; (ii) quando os desafios acima mencionados são abordados, os livros não os utilizam como base para propor qualquer discussão explícita sobre o conceito de gene e as dificuldades que este enfrenta atualmente, passando ao largo dos debates atuais sobre este conceito; e (iii) há, nos livros analisados, uma proliferação de significados do termo ‘gene’, o que torna o conceito vago e confuso, podendo levar, inclusive, a concepções equivocadas. Esses resultados indicam, de um lado, uma possível fonte das idéias sobre genes e função gênica que prevalecem nos livros do ensino médio, e, de outro, que os problemas encontrados em nossa análise também aparecem no ensino superior, havendo, portanto, necessidade de recontextualização didática dos debates sobre genes em ambos os níveis de ensino.

Como discute Oyama (2000), não se deve diminuir a importância da conexão entre o modo usual de explicar a noção de ‘informação genética’, que encontramos nos livros analisados, e visões deterministas. Ela argumenta que o determinismo genético é inerente à maneira como

representamos genes e sua função em sistemas biológicos. Na visão dessa filósofa da biologia, enquanto genes forem representados como se carregassem informação sobre como um organismo se desenvolverá, eles continuarão a ser vistos como causas determinantes dos próprios organismos e de suas características, não importa quanta evidência exista contra essa idéia. Em oposição ao determinismo genético, Oyama propôs sua ‘teoria dos sistemas de desenvolvimento’, na qual a paridade causal entre genes e outros recursos desenvolvimentais é um dos postulados básicos (OYAMA, 2000; OYAMA *et al.*, 2001). Essa perspectiva busca destacar um elemento que estaria ausente nas explicações deterministas da relação genótipo-fenótipo, a saber, o desenvolvimento, ao longo do qual, genes, organismos e ambientes interagem uns com os outros de tal maneira que cada um deles é tanto causa quanto efeito, de uma maneira complexa (LEWONTIN, 1983, 2000). Nosso desafio é, então, caracterizar genes, sua relação com DNA, seu modo de ação, sua regulação e sua relação com o fenótipo de maneira a aproximar o conhecimento escolar sobre genética e biologia celular e molecular de um modo de compreensão que vem se tornando dominante na comunidade científica que se ocupa dessas áreas. Neste modo de compreensão, o reconhecimento da complexidade da estrutura e dinâmica dos genomas tem sido a tônica, bem como da complexidade dos processos de desenvolvimento e de constituição de características fenotípicas. Aproximar mais o conhecimento escolar de biologia, no nível médio de escolaridade, deste modo de compreensão não se limita a um requisito de atualização do conteúdo, pura e simplesmente. Trata-se, antes, de reestruturar o modo como ensinamos sobre genes no ensino médio, de maneira a educar os estudantes para que se tornem mais críticos quanto às visões deterministas genéticas que predominam nos meios de comunicação, textos didáticos e opinião pública. Consideramos, por fim, que a discussão do *splicing* alternativo no ensino médio constitui meio adequado para a introdução de uma compreensão mais atualizada e sofisticada das relações complexas entre genes, desenvolvimento e fenótipo. A abordagem que encontramos no LD1 e no LD12 fornecem indicações interessantes sobre como este conteúdo pode ser recontextualizado para uso didático no ensino médio.

Referências

- ATLAN, H.; KOPPEL, M. The cellular computer DNA: Program or data? **Bulletin of Mathematical Biology**, v. 52, n. 3, p.335-348, 1990.
- BARDIN, L. **Análise de conteúdo**. Lisboa: Edições 70, 2000.
- BENZER, S. The elementary units of heredity. In: MCELROY, W.; GLASS, B. (Eds.). **The Chemical Basis of Heredity**. Baltimore: John Hopkins Press, pp. 70-93, 1957.
- BLACK, D. L. Mechanisms of alternative pre-messenger RNA splicing. **Annual Review of Biochemistry**, v.72, p.291-336, 2003.
- BOWLER, P. J. **Evolution: The History of an Idea** (3rd Ed.). Berkeley: University of California Press, 2003.
- BRUNI, L. E. **A Sign-theoretic Approach to Biotechnology**. Tese de doutorado. Institute of Molecular Biology, University of Copenhagen, 2003.
- COYNE, J. A. The gene is dead: Long live the gene. **Nature**, v. 408, p. 26-27, 2000.
- DAWKINS, R. **The extended phenotype**. Oxford: W. H. Freeman, 1982.
- 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.

_____. Controvérsias sobre o Conceito de Gene e suas Implicações para o Ensino de Genética. In: ENCONTRO DE PESQUISA EM EDUCAÇÃO EM CIÊNCIAS (ENPEC), V., 2005, Bauru, **Atas do V Encontro de Pesquisa em Educação em Ciências**, Bauru: São Paulo, 2005. p.178-190.

_____. Explicações causais do desenvolvimento: são os genes suficientes? **Cadernos de História e Filosofia da Ciência**, série 3, v. 7, p. 121-167, 1997.

_____. **O Insustentável Peso dos Genes**: A Persistência do Determinismo Genético na Mídia e na Literatura Científica. 1995. Dissertação (Mestrado em Educação) – Faculdade de Educação, Universidade Federal da Bahia, Salvador.

_____; QUEIROZ, J.; EMMECHE, C. *A semiotic analysis of the genetic information system*. **Semiotica**, v.160, n. 1/4, p.1- 68, 2006.

_____; QUEIROZ, J.; EMMECHE, C. **Genes, Information, and Semiosis**. Tartu: Tartu University Press, Tartu Semiotics Library, no prelo.

_____. *et al.* Brazilian High School Biology Textbooks: Main Conceptual Problems in Genetics and Cell & Molecular Biology. In: INTERNATIONAL MEETING ON CRITICAL ANALYSIS OF SCHOOL SCIENCE TEXTBOOKS (IOSTE). **Proceedings of the IOSTE International Meeting on Critical Analysis of School Science Textbooks**. Hammamet: Tunis, University of Tunis, 2007, p.494-504.

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, p. 317-348, 2000.

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

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

_____. The dissolution of protein coding genes. In: BEURTON, P; FALK, R.; RHEINBERGER, H-J. (Eds.). **The concept of the gene in development and evolution**. Cambridge-UK: Cambridge University Press, p. 3-25, 2000.

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

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

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

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

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

KAMIN, L. J.; LEWONTIN, R. C.; ROSE, S. **Not in Our Genes**: Biology, Ideology, and Human Nature. New York-NY: Pantheon, 1984.

KELLER, E. F. The century beyond the gene. **Journal of Bioscience**, v. 30, p.3-10, 2005.

_____. **The century of the gene**. Cambridge-MA: Harvard University Press, 2000. 182p.

- LEITE, M. Retórica determinista no genoma humano. **Scientiae Studia**, v.4, n.3, p. 421-452, 2006.
- LEWONTIN, R. C. The organism as the subject and object of evolution. **Scientia**, v. 118, p. 63-83, 1983.
- _____. **The Triple Helix: Gene, Organism, and Environment**. Cambridge-MA: Harvard University Press, 2000.
- MAGURRAN, A. Backseat drivers, Review of The Century of the Gene by E. F. Keller. **New York Times Book Reviews**, 10 December, p. 26, 2000.
- MAYNARD SMITH, J. The Cheshire cat's DNA. **The New York Review of Books**, v. 47, p. 43-46, 2000.
- MAYR, E. **The Growth of Biological Thought: Diversity, Evolution, and Inheritance**. Cambridge-MA: Harvard University Press, 1982. 974p.
- MENDEL, G. J. **Experiments in Plant Hybridization**. Cambridge-MA: Harvard University Press, 1965.
- 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, p. 85-97, 2001.
- _____. **What genes can't do**. Cambridge-MA: MIT Press, 2003. 228p.
- MOYLE, L. Most ingenious: troubles and triumphes of a century of genes. *Biology and Philosophy*, v. 17, p. 715-727, 2002.
- NASCIMENTO, T. G.; MARTINS, I. O texto de genética no livro didático de ciências: uma análise retórica crítica. **Investigações em Ensino de Ciências**. (Online), v.10, n. 2, p.1-21, 2005.
- NEUMMAN-HELD, E.. Let's talk about genes: the process molecular gene concept and its context. In: OYAMA, S.; GRIFFITHS, P. E.; GRAY, R. D. (Eds.). **Cycles of contingency: Developmental systems and evolution**. Cambridge-MA: MIT Press, pp. 69-84, 2001.
- _____.; REHMANN-SUTTER, C. **Genes in development**. Durham: Duke University Press, 2006. 378p.
- 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**. 2 ed. Durham, NC: Duke University Press, 2000. 273p.
- _____.; GRIFFITHS, P. E.; GRAY, R. D. (Eds.). **Cycles of contingency: Developmental systems and evolution**. Cambridge-MA: MIT Press, 2001. 391p.
- PARDINI, M. I. M. C.; GUIMARÃES, R. C. A systemic concept of the gene. **Genetics and Molecular Biology**, v.15, n.3, p.713-721, 1992.
- PITOMBO, M.A.; ALMEIDA, A.M.R.; EL-HANI, C.N. (2008). Gene concepts in higher education cell and molecular biology textbooks. **Science Education International**, v. 19, pp. 219-234, 2008b.
- PITOMBO, M.A.; ALMEIDA, A.M.R.; EL-HANI, C.N. Conceitos de gene e idéias sobre função gênica em livros didáticos de biologia celular e molecular do ensino superior. **Contexto & Educação**, v. 77, p. 81-110, 2008a.

RHEINBERGER, H.-J. Gene concepts: fragments from the perspective of molecular biology. In: BEURTON, P. B.; FALK, R. & RHEINBERGER, H.-J. (Eds.). **The Concept of the Gene in Development and Evolution**. Cambridge, UK: Cambridge University Press, pp. 219-239, 2000.

RIOS, R. I. O início do fim do gene, resenha de Keller, E. F. O Século do Gene. **Ciência Hoje**, v. 34, p. 72-73, 2004.

ROCHA, P. L. B. *et al.* Brazilian high school biology textbooks: main conceptual problems in evolution and biological diversity. In: INTERNATIONAL MEETING ON CRITICAL ANALYSIS OF SCHOOL SCIENCE TEXTBOOKS (IOSTE). **Proceedings of the IOSTE International Meeting on Critical Analysis of School Science Textbooks**. Hammamet: Tunis, University of Tunis, 2007, pp. 893 – 907.

SANTOS, V.C. **Splicing alternativo**: implicações para os conceitos de gene e informação. 2005. Monografia – Instituto de Biologia, Universidade Federal da Bahia, Salvador.

SARKAR, S. Biological information: A skeptical look at some central dogmas of molecular biology. In; SARKAR, S. (ed.). **The Philosophy and History of Molecular Biology**: New Perspectives, Dordrecht: Kluwer, pp. 187-231, 1996.

SOLHA, G.C.; WAIZBORT, RF. Os genes interrompidos: o impacto da descoberta dos íntrons sobre a definição de gene molecular clássico. **Revista da Sociedade Brasileira de História da Ciência**, v. 5, p. 63-82, 2007.

STERELNY, K.; GRIFFITHS, P. E. **Sex and death**: An introduction to the philosophy of biology. Chicago: The University of Chicago Press, 1999. 456p.

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.

WILKINS, A. S. Grappling with developmental complexity. **BioEssays**, v. 24, p. 1193-1195, 2002.

WILLIAMS, G.C. **Adaptation and Natural Selection**. Princeton, NJ: Princeton University Press, [1966]1996.

Lista dos livros didáticos analisados

LD1. AMABIS, J. M.; MARTHO, G. R.. *Biologia*. São Paulo: Moderna, 2005.

LD2. BORBA, A.A.; CANÇADO, O.F.L. *Biologia*. Curitiba: Positivo, 2005.

LD3. BORBA, A.A.; CROZETTA, M.A.S.; LAGO, S.R. *Biologia*. São Paulo: IBEP, 2005.

LD4. BOSCHILIA, C. *Biologia sem segredos*. São Paulo: RIDEEL, 2005.

LD5. CARVALHO, W. *Biologia em foco*. São Paulo: FTD, 2005.

LD6. CHEIDA, L.E. *Biologia integrada*. São Paulo: FTD, 2005.

LD7. COIMBRA, M.A.C.; RUBIO, P.C.; CORAZZINI, R.; RODRIGUES, R.N.C.; WALDHELM, M.C.V. *Biologia – Projeto escola e cidadania para todos*. São Paulo: Editora do Brasil, 2005.

- LD8. FAUCZ, F.R.; QUINTILHAM, C.T. *Biologia: Caminho da vida*. Curitiba: Base, 2005.
- LD9. FAVARETTO, J. A.; MERCADANTE, C. *Biologia*. São Paulo: Moderna, 2005.
- LD10. FROTA-PESSOA, O. *Biologia*. São Paulo: Scipione, 2005.
- LD11. GAINOTTI, A.; MODELLI, A. *Biologia*. São Paulo: Scipione, 2005.
- LD12. LAURENCE, J. *Biologia*. São Paulo: Nova Geração, 2005.
- LD13. LINHARES, S.; GEWANDSZNAJDER, F. *Biologia*. São Paulo: Ática, 2005.
- LD14. LOPES, S.; ROSSO, S. *Biologia*. São Paulo: Saraiva, 2005.
- LD15. MACHADO, S.W.S. *Biologia*. São Paulo: Scipione, 2005.
- LD16. MORANDINI, C.; BELLINELLO, L.C. *Biologia*. São Paulo: Atual, 2005.
- LD17. PAULINO, W. R. *Biologia*. São Paulo: Ática, 2005.
- LD18. SILVA JÚNIOR, C.; SASSON, S. (César & Sezar). *Biologia*. São Paulo: Saraiva, 2005.

Recebido em setembro de 2008, aceito em novembro de 2008.