

A natureza da Biologia e os conceitos biológicos: como exemplificar o caráter sistêmico e integrado dessa ciência?

Thais Benetti de Oliveira *
Ana Maria de Andrade Caldeira #

Resumo: A Biologia é uma ciência autônoma de natureza sistêmica e integrada. Embora em muitos casos os conceitos biológicos sejam abordados a partir de uma perspectiva molecular ou DNA-centrista, estão inseridos em uma rede complexa que perpassa tanto o nível molecular quanto os níveis de organismo e ecológico. O presente trabalho aborda os conceitos biológicos de gene, nicho ecológico, organismo e evolução biológica, a partir de um viés epistêmico e empírico que enfatiza as relações entre esses conceitos, engendradas nos diferentes níveis citados. A partir das discussões apresentadas, objetivamos discutir a impossibilidade de recorrermos apenas às explicações de ordem molecular para o entendimento dos processos biológicos. Para tanto, aludimos a exemplos e/ou situações biológicas cuja problematização subjaz à integração entre os diferentes níveis biológicos. Os exemplos citados e as problematizações de fundamentação epistêmica são esteios iniciais para uma articulação entre a Epistemologia e a Didática, bem como para a inserção de discussões dessa natureza na formação inicial de biólogos.

Palavras-chave: formação inicial; Epistemologia da Biologia; conceitos biológicos

* Estudante de doutorado do Programa de Pós-graduação em Educação para a Ciência, Universidade Estadual Júlio de Mesquita Filho (UNESP), campus Bauru. Av. Luiz Edmundo Carrijo Coube, 14-01, CEP 17.033-360, Bauru, SP. E-mail: thaisbbbp@hotmail.com

Departamento de Educação da Faculdade de Ciências, Universidade Estadual Júlio de Mesquita Filho (UNESP), campus Bauru. Av. Luiz Edmundo Carrijo Coube, 14-01, CEP 17.033-360, Bauru, SP. E-mail: anacaldeira@fc.unesp.br

The nature of biology and biological concepts: How exemplify the systemic and integrated character of this science?

Abstract: Biology is an autonomous science of systemic and integrated nature. Although in many cases biological concepts are addressed from the molecular or DNA-centrist perspective, they are embedded in a complex network that involves both the molecular level as the organism and ecological levels. This paper discusses the biological concepts of gene, ecological niche, organism and biological evolution, from an epistemic and empirical bias that emphasizes the relationship between these concepts, engendered in the different mentioned levels. Then, the aim of this paper is discuss the impossibility to resorting only to molecular explanations to understanding biological processes. For that, we think about examples and/or biological situations which problematization underlies the integration among different biological levels. The mentioned examples and the epistemic discussions are mainstays for initial link between epistemology and didactics, as well as for insertion of this kind of discussion in the initial biologists training.

Keywords: teacher training; Epistemology of Biology; biology concepts

1 INTRODUÇÃO

“Na Biologia não se pode escapar da relação dialética entre as partes e os todos” (Lewontin, 2002, p. 86).

Muito se fala sobre a caracterização integrada e sistêmica da Biologia. Os conceitos de gene, organismo, nicho ecológico e evolução biológica, por exemplo, têm sido alvo de debates filosóficos e epistemológicos cuja fundamentação contempla, principalmente, essa abordagem integrada dos fenômenos biológicos.

Não obstante às injunções candentes apresentadas por esses debates, faz-se necessário um aprofundamento sobre as questões empíricas e epistemológicas que permeiam essas (re)formulações conceituais para, então, exemplificarmos a sua natureza integrada. Como os conceitos caracterizam objetos epistêmicos cuja abordagem e/ou concepção represente a integração dos processos biológicos?

Este artigo tem por objetivo essa reflexão: por que toda biologia precisaria ser entendida sob essa perspectiva? Precisamos transitar entre o que já foi escrito sobre os conceitos biológicos desde sua origem até as definições contemporâneas, enfatizando os contrapon-

tos epistêmicos e empíricos e as (re)organizações teóricas que esses contrapontos suscitam.

Lewontin (2002), a partir de uma problematização acerca das relações entre gene, organismo e ambiente, fornece importantes contribuições sobre a natureza da biologia, uma vez que discute sobre a integração entre esses elementos por meio de questionamentos e exemplos biológicos. Neste artigo, destacaremos parte desse trânsito epistêmico, calcando-se na interdependência entre os conceitos citados e como essa integração pode ser identificada nas tentativas de atribuir uma dimensão univocamente molecular aos exemplos biológicos.

Embora as peculiaridades da natureza de cada ciência estejam bem descritas na literatura, há carência de materiais empíricos ou exemplos didático-pedagógicos por meio dos quais a abordagem dos conceitos científicos esteja próxima à forma que os mesmos são produzidos: eles são submetidos a embates teóricos constantes, decorrentes de um contexto de refutações, alegações e deliberações as quais culminam na sustentação, ampliação ou obsolescência de teorias ou paradigmas.

Esse trânsito epistêmico a que nos referimos facilita a visualização da natureza da ciência e da construção dos conceitos: as controvérsias e desafios filosóficos, as inconsistências empíricas, a necessária adequação entre a pesquisa teórica e empírica e como essas discussões articulam-se com a perspectiva didática no âmbito da formação inicial de biólogos.

2 OS CONCEITOS BIOLÓGICOS E A NATUREZA DA BIOLOGIA

Embora a Biologia seja uma ciência autônoma, a formatação dessa ciência como campo específico do conhecimento é recente, uma vez que até o início do século XX, segundo alguns autores, a construção do conhecimento sobre os fenômenos do mundo vivo, ou seja, a Epistemologia da Biologia era baseada nas Ciências Físicas e Químicas (Mayr, 2005).

Essa influência da Física e da Química sobre as explicações biológicas contribuiu para a molecularização da Biologia, que poderia ser suficientemente entendida por meio da perspectiva molecular (El-Hani, 2002). No entanto, embora a genética molecular seja uma área

importante dentro da Biologia, por que não podemos entender todo fenômeno biológico apenas a partir dessa dimensão?

O DNA-centrismo atribuiu um sentido mecanicista aos processos biológicos, reforçando a concepção geral de que a biologia pode ser entendida sob um enfoque reducionista, principalmente associado à dimensão molecular. A biologia molecular ganhou tamanha autonomia dentro da Biologia que tornou-se uma maneira geral e imprescindível de entender os fenômenos biológicos (El-Hani, 2002).

As conquistas derivadas desse campo de investigação são uma das razões para a força do programa reducionista nas ciências biológicas: mapeamentos de vias bioquímicas, descrições detalhadas das interações DNA-proteína, segmentação de cromossomos em genes definidos, sequências de nucleotídeos decifradas pelo Projeto Genoma, as mudanças nas frequências gênicas das populações (El-Hani, 2002).

Se pensarmos, ainda, nos mecanismos moleculares que podem gerar variação, seria tendencioso reafirmarmos a ação unívoca desses mecanismos no resultado de todas as formas orgânicas existentes.

A mutação, por exemplo, é um mecanismo fundamental para a existência de variabilidade. Ela possibilita o surgimento de novas sequências nucleotídicas (em se tratando de aneuploidias: deleção, inversão ou translocação) ou ainda de novos conjuntos genômicos quando altera o número “n” de cromossomos que não existiam anteriormente (Junqueira & Carneiro, 2012).

A recombinação gênica, embora não gere genes inéditos, permite que novas combinações de genes sejam geradas a partir dos já existentes. Três mecanismos podem promover essa recombinação: a segregação independente na meiose, a fecundação e o crossing-over (Junqueira & Carneiro, 2012).

Na meiose, apenas um cromossomo de cada par vai para o gameta. Assim, podem ser formados vários tipos de gametas, cada qual com uma combinação diferente de cromossomos maternos e paternos (Junqueira & Carneiro, 2012).

Em um indivíduo em que $2N = 6$ (3 pares de cromossomos homólogos), há quatro possibilidades de segregação. Assim, podem ser formados 8 tipos de gametas diferentes (2^3).

Na espécie humana, por exemplo, há 23 pares de cromossomos na célula diploide. Isso significa que pode haver 2^{23} tipos de gametas,

ou seja, 8.388.608 tipos diferentes de gametas! Como isso vale para o homem e para a mulher (uma vez que o número diploide da espécie é restituído pela fecundação), um casal poderia originar, a partir da fecundação, $8.388.608^2$ encontros gaméticos diferentes, ou seja, aproximadamente 70 trilhões de tipo de filhos geneticamente distintos. Assim, fica fácil entender porque dois irmãos, apesar de serem filhos dos mesmos pais, são geneticamente únicos e podem, às vezes, não ser nada semelhantes (Junqueira & Carneiro, 2012).

Se aplicarmos esse raciocínio para as diferentes espécies existentes, de acordo com o número diploide peculiar de cada espécie, perceberíamos que essa possibilidade de variedade existe – mesmo que em maior ou menor número – em todas as espécies.

Dessa forma, pode parecer que o âmbito dos processos genético-moleculares é capaz de gerar e explicar toda diversidade biológica existente. É fato que a perspectiva genética contribui para a profusão das formas orgânicas existentes. No entanto, a ideia de que a Biologia pode restringir-se unicamente à molecularização dos fenômenos, prescinde a complexidade das ciências biológicas, tal como trataremos nos parágrafos a seguir.

Os estudos em Biologia englobam uma heterogeneidade de fenômenos os quais perpassam desde os níveis molecular e celular, até os níveis das populações, dos ecossistemas e da biosfera, constituindo-se, portanto, por fenômenos integrados, complexos e dinâmicos, coesos por uma atividade interdependente em vários níveis – desde o celular/molecular ao ecológico (Meglhioratti *et al.*, 2008).

Para Mayr (2005), uma das peculiaridades da Biologia é que essa ciência não pode responder suas questões fomentando-se em leis universais – como comumente recorrem os ramos da lógica, matemática e das ciências físicas.

O biólogo tem de estudar todos os fatos relacionados com aquele problema particular, inferir toda sorte de conseqüências a partir da reconstrução de uma miríade de fatores e, então, tentar construir um cenário que possa explicar os fatos observados naquele caso particular. Em outras palavras, ele constrói uma narrativa histórica. (Mayr, 2005, p. 97)

O cerne dessa questão é, no entanto, que essa narrativa histórica, embora possa ser representada pela causalidade, exceto nos níveis

molecular e celular, torna-se praticamente impossível – sob a lógica do retrospecto – termos certeza de que recorreremos aos passos “verdadeiros” para reconstrução do fenômeno ou processo considerado, uma vez que quando estudamos com atenção um problema biológico, podemos atribuir ao mesmo, naturalmente, mais do que uma explicação causal.

Em Biologia, uma pluralidade de fatores causais, combinado com o probabilismo na cadeia de eventos, geralmente torna muito difícil, quando não impossível, determinar a causa de um dado fenômeno. (Mayr, 2005, p.102)

Por exemplo, uma espécie pode estar extinta devido à competição com outra espécie, a ações antrópicas, a mudanças no clima, evento catastrófico ou ainda devido a uma combinação randômica desses fatores (Mayr, 2005).

Essa questão ainda pode ser explicada pela paleontologia, no que faz referência ao motivo que justificaria uma fila dupla de placas ósseas em forma de folhas no dorso do dinossauro *Stegosaurus*. Por que essa estrutura fenotípica tão característica está presente nesses dinossauros? Diversas respostas já foram dadas, mas nunca poderemos escolher, definitivamente, uma delas. Em uma das versões, as placas seriam sinal de conhecimento sexual da espécie. Em outra, aumentariam a silhueta desse animal herbívoro, inviabilizando os ataques de predadores carnívoros. Diz-se ainda que as placas poderiam contribuir para o comportamento de defesas físicas contra mordidas. Talvez, a hipótese mais razoável seja a de que auxiliariam o resfriamento para regular a temperatura interna, explicação consonante com a forma e localização no corpo e com o número aparentemente grande de vasos sanguíneos que as serviam (Lewontin, 2002).

Ainda pensando nos objetos de estudo das Ciências Biológicas, se pensarmos nas conjunturas empíricas e/ou científicas do século XVIII, as pesquisas estavam alicerçadas no paradigma cartesiano. A perspectiva analítica propugnava a necessária decomposição dos objetos de estudo em suas partes para que o entendimento das propriedades de cada uma dessas partes fornecesse, subjacentemente, a compreensão do todo. Assim, os encaminhamentos teórico-científicos e a constituição dos conteúdos de uma ciência acabaram por balizar-se nesse pressuposto, o qual refletiu na organização dos conteúdos bio-

lógicos em áreas específicas, sem trânsito entre eixos comuns. Nesse sentido, uma questão fundamental colocada por Lewontin foi: “Como decompor o mundo natural dos objetos e dos processos de maneira a lograr o entendimento adequado da história e da operação dos fenômenos naturais?” (Lewontin, 2002, p. 75).

De maneira análoga a esse questionamento, como delegar uma função totalmente específica para cada agente causal integrante de um processo biológico, se a Biologia é uma ciência de abordagem sistêmica que se ocupa de objetos de estudos que podem ter suas atividades/funções alteradas mediante a interferência de um agente causal que pode atuar no mesmo nível do objeto considerado ou ainda em nível diferente? Como determinar que um único agente causal seja totalmente responsável por determinado processo biológico, se esse agente, provavelmente, estará submetido a influências e/ou intercorrências de outros agentes?

Ao atribuírmos à causalidade dos processos biológicos aos níveis exclusivamente celular, genético ou molecular, prescindimos a ocorrência do fenômeno de emergência, característico dos sistemas biológicos. A partir desse fenômeno há possibilidade de surgimento de propriedades que dependem da interação de outros níveis, o que inviabiliza a atribuição de funções independentes para os níveis biológicos.

3 A EPISTEMOLOGIA DOS CONCEITOS BIOLÓGICOS: COMO ENXERGAR ESSA INTEGRAÇÃO?

O conceito de evolução biológica organiza-se, potencialmente, como um eixo unificador da Biologia (Meghioratti, 2009); Futuyama, 2009); Bizzo, 1991). Essa potencialidade pode ser justificada uma vez que a Biologia Evolutiva é uma área do conhecimento que procura compilar resultados oriundos de várias áreas adjacentes, como a biologia molecular, a genética de populações, a paleontologia, a sistemática de plantas e animais, a ecologia (Caldeira & Silveira, 1998).

No entanto, à revelia dessa organização, a partir da segunda metade do século XX, a Biologia Evolutiva passou a enfatizar os processos engendrados no nível molecular, principalmente em relação ao funcionamento e regulação do gene (Caldeira & Silveira, 1998; El-Hani, 2002).

Essa ênfase na perspectiva molecular caracterizou a edificação da teoria sintética, a qual fundamentou-se nos conceitos de mutação, recombinação e seleção natural, além de ratificar a concepção de organismo como um objeto meramente passivo, sem qualquer influência ativa sobre o meio ambiente (Caldeira & Silveira, 1998; Almeida & El-Hani, 2010; El-Hani, 2002).

Embora essa tendência DNA-centrista tenha caracterizado o pensamento evolutivo desde 1920, inviabiliza o entendimento da biologia evolutiva como um todo, bem como as especificações de controle causal do processo evolutivo. Perguntas do tipo “o que determina o surgimento de uma estrutura morfológica”?, ou “por que essa estrutura manteve-se na população”? foram reduzidas e/ou restritas ao poder de alcance da seleção natural, bem como a retrospectos evolutivos que buscavam o processo seletivo responsável pela utilidade corrente de determinado traço fenotípico. Cada estrutura morfológica era então, oriunda de uma história de seleção natural específica, que ocorria de forma independente de outros processos seletivos.

O que estamos a defender sobre a fundamentação da própria estrutura do conhecimento biológico é a abordagem integrada da Biologia, e, portanto, precisamos elucidar como os componentes que fazem parte dessa ação integrada estabelecem relações entre si, principalmente em referência ao trânsito entre as perspectivas macroespacial e microespacial.

O conceito de gene, por exemplo, é alvo de uma crise epistemológica caracterizada pela inviabilidade da interpretação do mesmo apenas como uma unidade de estrutura ou função. Essa caracterização muito demarcada e pontual do gene é derivada da definição do conceito molecular clássico, segundo a qual um gene é um segmento de DNA que codifica um produto funcional (polipeptídio ou RNA). (Joaquim & El-Hani, 2010; El-Hani, 2007; Joaquim *et al.*, 2007). A partir dessa definição, entendemos que o gene seja uma unidade hereditária que possui estrutura, função e localização definidas.

Essa linearidade processual – um gene = uma proteína – no entanto, esbarra em condições empíricas já bem descritas na literatura como, por exemplo, a proposição do modelo operon *lac*. A partir desse modelo, passou-se da ideia que havia dominado a genética clássica, de que os genes simplesmente agiam, para a ideia de que os ge-

nes deviam ser ativados, podendo encontrar-se, portanto, em estado inativo na célula (Keller, 2002). Nesse caso, essa ativação ou desativação da expressão gênica é dependente da concentração de glicose. Além disso, sequências nucleotídicas não contínuas no genoma atuam na mesma via metabólica, referente à hidrólise da lactose, o que inviabilizou a ideia de começo e fim definidos e bem demarcados caracterizados pela concepção de gene molecular clássico.

Outro exemplo que também impõe desafios ao conceito molecular clássico é o processo de *splicing* alternativo. A remoção dos *introns* durante o processamento pode ocorrer de formas alternativas, o que propicia a codificação de mais de uma proteína por gene. Esse fenômeno é denominado *splicing* alternativo. A variabilidade em padrões de *splicing* aumenta o número de proteínas expressas por uma região codificante de DNA eucarioto e, portanto, permite que esse processo seja um dos responsáveis pela complexidade funcional do genoma humano, já que uma grande diversidade proteica coexistirá em um número relativamente limitado de genes (Joaquim & El-Hani, 2010; Pitombo, Almeida & El-Hani, 2007). Decorre disso que as sequências transcritas no RNA não são as mesmas mais tarde traduzidas nas proteínas, impondo, assim, um primeiro problema para o conceito molecular clássico, que se apoia, contundentemente, na unidade de transcrição para demarcar o que é um gene (Pitombo, Almeida & El-Hani, 2007).

Assim, no *splicing* alternativo, várias unidades de mensagem são construídas antes da formação do produto e, portanto, antes de a sequência de DNA exercer sua função. Nesse sentido, a sequência transcrita atua como várias unidades de estrutura e função. Se diferentes proteínas podem ser geradas, é difícil sustentar a ideia de que genes seriam unidades estruturais e/ou funcionais. A relação entre gene, produto gênico e função não é de 1:1:1 (Joaquim & El-Hani, 2010, p. 99)

Embora não tenhamos mencionado todos os desafios recentes direcionados à percepção do gene como unidade bem demarcada do genoma, é possível perceber que a natureza da expressão gênica está vinculada ao contexto celular, bem como às interações engendradas nesse contexto, o que inviabiliza a ideia de que o gene produz um polipeptídeo que, por sua vez, tem uma função singular. Dessa for-

ma, os genes tornaram-se objetos epistêmicos, como argumenta Rheinberger (2000), dada a natureza dos próprios genes e dos processos de expressão gênica frente à complexidade do genoma e da maquinaria celular. A partir da complexidade da expressão gênica, Keller, argumentou:

Virtualmente toda propriedade biologicamente significativa convencionalmente atribuída ao DNA – incluindo sua estabilidade – é, de fato, uma propriedade relacional, uma consequência das interações dinâmicas entre o DNA e muitos processadores proteicos que convergem sobre ele. O próprio significado de qualquer sequência de DNA é relacional – para o propósito de compreender o desenvolvimento ou a doença, são os padrões de expressão gênica que realmente importam, e esses padrões estão sob o controle de um aparato regulatório muito complexo, e não podem ser preditos apenas a partir do conhecimento sobre a sequência. (Keller, 2005, p. 4)

Essa compreensão epistêmica dos genes é fomentada pela dependência do DNA em relação a processos de expressão gênica e complexas redes regulatórias encontradas no ambiente celular e supracelular. Essas redes funcionais inviabilizam a ideia de genes como unidades estruturais e/ou funcionais no DNA, em detrimento a uma nova forma de conceber a função biológica, por meio da qual a função não é encontrada em genes particulares, seja no DNA ou no RNA, mas em redes comunicativas, informacionais, encontradas nos sistemas vivos (Keller, 2005).

Dessa forma, a expressão gênica é um processo contexto-dependente atrelado a uma sincronização espaço temporal, que pode resultar em fenótipos bastante distintos, mesmo quando nos referimos a uma sequência nucleotídica semelhante ou idêntica. A crucialidade da ação gênica está no modo como os genes são usados, na regulação da expressão gênica.

Diferentes animais usam os mesmos genes em tempos e lugares diferentes no desenvolvimento, resultando em formas corporais também distintas. Isso é possível porque cada um dos genes envolvidos no processo de desenvolvimento pode ter vários interruptores diferentes. Isso permite que um mesmo gene seja usado em tempos e lugares distintos, porque conjuntos diferentes de proteínas capazes de acionar ou desligar os genes do desenvolvimento estão presentes em

diferentes momentos e em diferentes tecidos em formação. (El-Hani & Meyer, 2009, p. 03)

Sean Carroll (2006) propôs uma metáfora interessante para tais genes: os mesmos seriam componentes de uma “caixa de ferramentas genéticas” para o desenvolvimento. Como é possível fazer animais muito diferentes com base nas mesmas ferramentas? O segredo está na maneira como os genes são usados, na regulação da expressão gênica. Jablonka e Lamb (2010) argumentam que as sequências gênicas operam de formas diferentes dependendo de o que é “ligado” e “desligado” ao longo da sequência nucleotídica considerada. Para essas autoras, diferenças morfológicas consideráveis podem surgir a partir de sequências idênticas.

Bateson (*apud* Carrol, 2006), constatou que muitos dos grandes animais são formados por elementos repetidos que, por sua vez, também podiam ser constituídos por unidades recorrentes. Ao analisar determinados grupos de animais, a quantidade e o tipo de estruturas repetidas pareciam definir as principais diferenças entre as espécies. Por exemplo, embora todos os vertebrados possuam uma coluna vertebral modular, há uma variação bastante considerável no número de vértebras entre a cabeça e a cauda dos distintos animais. Os sapos possuem menos de uma dúzia, os seres humanos têm 33 e as serpentes podem chegar a algumas centenas. Também existem vários tipos de vértebras: cervicais, torácicas, lombares, sacrais e caudais. As principais diferenças entre elas, em qualquer animal, estão no tamanho, no formato e na presença ou ausência de estruturas adjacentes como costelas. Diferentes vertebrados possuem quantidades distintas de cada tipo vertebral (Carrol, 2006).

Um exemplo ajudará a entender esse mecanismo. Estudos do desenvolvimento dos vertebrados revelaram que há um gene (chamado de *Hox6*) que é expresso na coluna vertebral. A fronteira de sua expressão na coluna sinaliza onde deverá ocorrer a transição entre vértebras cervicais e torácicas. Portanto, a origem de um plano corporal com um pescoço mais longo ou curto pode ser produzida pelo deslocamento da região em que o gene *Hox6* é expresso. As cobras representam um caso extremo: a região de expressão do *Hox6* foi tão deslocada anteriormente (em direção à cabeça) que nem há formação de vértebras cervicais: seu corpo longo resulta de perda do pescoço e aumento do tórax. É importante notar que o gene *Hox6* é muito se-

melhante em cobras e gansos. O que muda é a região em que ele é expresso e isso ocorreu porque os interruptores que o regulam mudaram ao longo da evolução. Em cobras, o interruptor só é acionado nas vértebras perto da cabeça. Já em gansos, ele é expresso longe da cabeça e o pescoço se estende até a 22ª vértebra. (El-Hani & Meyer, 2009, p. 03)

Um padrão semelhante aplica-se à morfologia e à diversidade dos artrópodes. Esses animais são formados por módulos repetitivos que, na região do tórax (atrás da cabeça), podem variar de 11 segmentos, em insetos, até dez em centípedes e milípedes. Os grupos de segmentos distinguem-se uns dos outros (por exemplo, torácicos e abdominais) pelo tamanho e pela forma, mas, principalmente, pelos apêndices que deles se projetam – de cada segmento torácico dos insetos projeta-se um par de patas, o que não ocorre nos segmentos abdominais (Carrol, 2006).

Essa multiplicidade causal envolvida na atividade gênica pode ser discutida, também, quando pensamos no conceito de organismo. A partir dessa tendência à molecularização dos fenômenos biológicos, o organismo passou a ser entendido como uma entidade passiva, resultado da interação entre gene e ambiente.

Os seres vivos são vistos como sendo organismos determinados por fatores internos, ou seja, os genes. [...] O mundo fora de nós coloca certos problemas, que não criamos, mas que apenas experimentamos como objetos. Os problemas são: encontrar um cônjuge, encontrar alimento, vencer as competições com os rivais, adquirir uma grande parte dos recursos do mundo e, se tivermos os tipos certos de genes, seremos capazes de resolver os problemas e deixar mais descendentes. Portanto, com essa visão, são realmente nossos genes que estão se propagando através de nós mesmos. (Lewontin, 2000, p. 17)

Uma das propriedades características dos organismos quando associados à perspectiva evolutiva é a auto-organização. A partir dessa percepção, podemos entender porque o paradigma cartesiano não funciona para estudos e caracterizações dos fenômenos biológicos, uma vez que todas as partes são ao mesmo tempo finalidade e meio, ou seja, ao mesmo tempo em que as partes contribuem para a organização do todo, também são consequências desse modo de organização (Meghioratti, El-Hani & Caldeira, 2012).

Assim, a partir da emergência de propriedades não previstas engendradas pelo caráter sistêmico do organismo, ou seja, “sistemas nos quais as relações funcionais de suas partes integrantes formam um todo com um maior grau de integração funcional do que a existente entre os sistemas que formam a unidade superior” (Etxeberria & Moreno, 2007, p. 34), a palavra “organismo” enfatiza aspectos de autonomia e da capacidade do sistema de criar significado (Ruiz-Mirazo *et al.*, 2000, p. 210). Portanto, o que difere os seres vivos da matéria inanimada é o padrão de organização dos componentes (ou seja, das partículas físico-químicas), não os tipos de componentes (Meghioratti, El-Hani & Caldeira, 2012).

A ideia de que apenas o ambiente age sobre o organismo, impondo condições de sobrevivência – ditadas pelas pressões seletivas – é equivocada, uma vez que essa relação é marcada por uma ação bilateral, a partir da qual ambos são agentes ativos de transformações que poderão sobrevir e afetar os caminhos evolutivos. Assim, a ação dos organismos também altera as condições bióticas e abióticas do meio; estabelecendo condições ambientais “criadas” por eles próprios, associadas a pressões seletivas distintas.

O processo de mutação gênica originaria um número suficiente das variantes corretas nos momentos apropriados a fim de que as espécies logrem sobreviver às alterações ambientais sem a seleção natural? (Lewontin, 2002). Se essa variedade fosse possível, poderíamos imaginar uma relação independente entre organismo e ambiente, uma vez que o caráter teleológico das alterações gênicas permitiria ao organismo uma ação totalmente independente e intrínseca. No entanto, sabemos que as mutações não podem predizer e/ou prospectar condições ambientais e responder sempre positivamente a essas condições. Dessa forma, o habitat de um organismo é construído a partir de uma ação sinérgica e imprevista entre ele e o ambiente.

É preciso explicar, por exemplo, como organismos que cavam buracos, tecem teias, constroem ninhos e tocas, ou aqueles que decompõem outros organismos, afetam o habitat que os circundam, uma vez que suas atividades estão alterando, de forma específica, o meio em que vivem (alteração de pH do solo e outros fatores edáficos, concentração de determinados gases, estreitamento de outros nichos em decorrência da construção das teias e tocas, entre outros).

Para Hoffmeyer devemos enfatizar a atividade do organismo na construção de seu ambiente, “o nicho ecológico tal como o animal o apreende” (Hoffmeyer, 1996, p. 54). Receitas para a construção de ambientes são incluídas no genótipo e transferidas seletivamente às gerações futuras. O processo seletivo não contemplaria simplesmente mudança na forma dos organismos, mas notadamente uma mudança em suas relações com o ambiente.

A própria Síntese Moderna aborda a ação da seleção natural sobre as variedades genéticas e quase ignora as relações do meio com o organismo. A perspectiva DNA-centrista desse paradigma concebe o organismo como resultado de um “rol” gênico a partir do qual emergirão as possibilidades de variabilidade genética sob as quais a seleção natural fará uma triagem – consonante às pressões evolutivas.

Laland, Odling-Smee e Gilbert (2008) e Pigliucci (2007) ressaltam essa falta de espaço teórico e empírico para a área da ecologia na Síntese Moderna, argumentando sobre a existência de uma lacuna na biologia evolutiva. Essa lacuna é resultante da falta de abordagem do papel desempenhado pelo ambiente na evolução orgânica. Essa participação do ambiente, a partir da qual, devemos identificar uma relação de influência recíproca com os organismos, para muitos autores, pode ser explicada por meio da “Teoria de Construção do Nicho” (TCN).

Segundo a TCN, os organismos modificam o ambiente por meio das atividades metabólicas e comportamentos próprios (Laland *et al.*, 2008). Os organismos constroem buracos, ninhos, teias e tocas; modificam os níveis de gases na atmosfera; decompõem outros organismos; fixam nutrientes, participando ativamente das determinações seletivas entre organismo e ambiente (Brandon, 1992; Laland *et al.*, 2008).

Assim, essa função ativa exercida pelo ambiente na evolução, acrescenta a noção de mecanismo de herança ecológica. Por meio dessa herança, os organismos descendentes herdaram as ações de seus antepassados, por meio da modificação efetuada pelos últimos em seu ambiente. Essa herança ecológica não é um sistema de cópia de modelo, logo, não depende de replicadores, mas do tipo de ação dos organismos, os quais serão responsáveis pelas características do ambi-

ente “transmitido” aos seus descendentes (Odling-Smee, Laland & Feldman, 2003; Jablonka & Lamb, 2010).

A incorporação da concepção de herança ecológica em biologia evolutiva tem consequências para a biologia do desenvolvimento, uma vez que em cada geração, a prole herdará um ambiente local seletivo que, de certa forma, já foi modificado, ou escolhido, dada a ação da construção do nicho de seu ancestral. Assim, de forma análoga aos mecanismos evolutivos centrados na herança genética – salientados pela Síntese Moderna – por meio dos quais, o desenvolvimento dos organismos começa com a herança de um “kit de partida” de genes, a teoria de construção de nicho começa com a herança de um “nicho de partida” (Laland, Odling-Smee & Gilbert, 2008).

Dessa forma, as ações e escolhas dos progenitores determinam as características do local em que os descendentes serão originados. Por exemplo, os insetos fitófagos, geralmente escolhem plantas hospedeiras específicas para depositarem seus ovos, que, subsequentemente, poderão ser fonte de alimento para sua prole. Nas aves e insetos, cujo ovo é um dos principais componentes do “nicho de partida”, a gema é fornecida para a nutrição embrionária e larval. Além disso, muitos organismos fornecem produtos químicos de proteção no seu “kit de partida” (Laland, Odling-Smee & Gilbert, 2008).

A herança ecológica amplia a noção de herança, já que um organismo herda uma ampla variedade de recursos que interagem na construção do ciclo de vida desse organismo (Oyama, Griffiths & Gray, 2001). A partir desse entendimento integrado que concebe a mudança do sistema como uma constante, a significância de qualquer causa é contingente em relação ao restante do sistema. Dessa forma, as características apresentadas pelos sistemas biológicos são resultados de interações constantes que modificam e determinam propriedades biológicas não reduzidas a um só nível.

A revelia dessa concepção acerca da relação organismo e ambiente, que (re)interpreta ambos como agentes ativos e participantes das interações entre diferentes níveis e, portanto, responsáveis pela organização ecológico-evolutiva, o conhecimento biológico exemplifica a passividade atribuída ao organismo na estrutura teórica da própria Síntese Moderna. Esta tendência está relacionada, ao menos em parte, com a estrutura do darwinismo como uma teoria variacional da mudan-

ça, em contrapartida a teorias anteriores, como as de Lamarck e Chambers, que eram transformacionais (Lewontin, 2002).

A ideia basal das teorias transformacionais foi explicar como os organismos de um determinado tipo chegaram a ter a forma que de fato eles têm, enfatizando as alterações morfológicas do indivíduo (Caponi, 2005).

A partir das compilações darwinianas, as populações substituíram os organismos e a perspectiva fisiológica enquanto objetos das ciências da vida (Caponi, 2005). De acordo com a teoria darwiniana, o processo evolutivo não precisa ser explicado a partir de processos individuais de transformação, uma vez que uma população “modifica-se, não porque cada indivíduo passe por desenvolvimentos paralelos durante a vida, e sim porque existe variação entre os indivíduos e algumas variantes produzem mais descendentes do que outras” (Lewontin, 2002, p. 9); e, por isso, pode afirmar-se que, segundo tal ponto de vista, o organismo, como diz Lewontin, aparece “como objeto, e não como sujeito, das forças evolutivas” (Lewontin, 1978, p. 85).

O grande embate entre o darwinismo e a biologia precedente recaiu sobre a oposição entre a perspectiva fisiológica, prevalente em todo o campo das ciências da vida desde Aristóteles até Cuvier, e a perspectiva populacional, que emergiu com a explicação darwiniana dos processos evolutivos (Almeida & El-Hani, 2010). Essa perspectiva populacional está veementemente alicerçada na seleção natural, na medida em que prevê que a partir da ação desse mecanismo, que atua sobre indivíduos variantes em populações, as grandes mudanças observadas ao longo do tempo são explicadas (Almeida & El-Hani, 2010).

No entanto, embora a embriologia e a dimensão fisiológica estejam ausentes na Síntese Moderna, a partir da década de 1980, os dados e a própria natureza das pesquisas empíricas (Carrol, 2006) restituem os questionamentos acerca do papel do desenvolvimento ontogenético na evolução. De fato, esse contraponto epistêmico retoma a perspectiva transformacional e é parte crucial de debates contemporâneos referentes a explicações e/ou mecanismos causais que complementem a ação da seleção natural (Caponi, 2005; Almeida & El-Hani, 2010). Essas teorias transformacionais da evolução, embora

considerem a ação da seleção natural sobre os processos evolutivos, questionam a capacidade desse mecanismo em produzir e *guiar* as *grandes mudanças* evolutivas.

A retomada da perspectiva transformacional para explicação da evolução biológica foi endossada pela consolidação de um novo campo de pesquisa – a Evo Devo. Essa área prospecta a possibilidade de articulação entre a perspectiva variacional e a transformacional, de modo que a seleção natural atue, complementarmente, a outros fatores.

Não obstante a relevância da seleção natural no processo evolutivo, nem a mesma, nem o DNA conseguem explicar diretamente como as diferentes formas foram geradas ou evoluíram (Carroll, 2006). Daí a retomada da relevância da perspectiva transformacional para explicar os processos evolutivos e a consolidação da Evo-Devo.

As pesquisas relativas à evolução e a embriologia não permitiam a construção da relação entre essas duas áreas biológicas e, uma vez que os estudos em embriologia permaneceram estagnados durante muito tempo, essa disciplina não integrou os pressupostos da Síntese Moderna.

Isso porque, a biologia molecular priorizava a elucidação das seqüências nucleotídicas, sem atentar-se para a comparação dessas seqüências entre espécies filogeneticamente distantes. Até que os experimentos com drosófilas fossem realizados, os biólogos acreditavam que não haveria possibilidade de organismos não aparentados terem seqüências gênicas semelhantes operando de maneiras distintas (Carroll, 2006).

No entanto, a partir de 1980, os avanços na biologia do desenvolvimento e na biologia da evolução diagnosticaram constatações importantes sobre os genes invisíveis e alguns eixos comuns que configuram a forma e a evolução animal (Carroll, 2006). Os dados derivados dessas pesquisas apontaram reformulações sobre o quadro proposto pela Síntese Moderna: “jamais poderíamos prever, por exemplo, que os mesmos genes que controlam a formação do corpo e dos órgãos de um inseto também coordenam a formação de nossos organismos” (Carroll, 2006, p. 14).

A ideia de bricolagem gênica está pautada na interação e nas relações entre gene, organismo e ambiente.

Um único genótipo pode produzir muitos fenótipos, dependendo das muitas contingências encontradas durante o desenvolvimento. Por isso, o fenótipo é o resultado de complexos eventos do processo de desenvolvimento que são influenciados tanto pelos fatores ambientais quanto pelos genes (H. F. Nijhout, 1999).

No entanto, as definições sobre o sistema genótipo-fenótipo também subjazem a um entendimento reducionista dos processos biológicos: os seres vivos são considerados produtos da interação entre o genótipo e o fenótipo, sendo o genótipo compreendido pelo conjunto de genes e o fenótipo a partir da expressão de características no organismo decorrente da relação entre seus genes e o ambiente (Justina, Meghioratti & Caldeira, 2012). Essa concepção é tida como um processo de interação unívoca e direta, decorrente da própria concepção de gene – concepção molecular – da ação do ambiente e da passividade característica do organismo nessas relações.

Essa interpretação de herança lastreia-se na ideia de que todas as características ou traços fenotípicos do organismo provêm de uma molécula de DNA, isentando assim, a possibilidade de que esses traços ou características sejam construídos e/ou (re)modelados ao longo do desenvolvimento orgânico, como resultado da ação e/ou interação de uma multiplicidade de fatores (Justina, Meghioratti & Caldeira, 2012).

Os recursos herdados não estão restritos apenas à dimensão genética e as ações da expressão gênica. A teoria de construção de nicho contempla a problemática envolvida na herança, uma vez que passamos a pensar sobre uma herança ecológica, que também integrará as características do organismo. O “kit de partida” derivado do micro-habitat construído pelo organismo pode determinar condições, efetivamente, determinantes para a vida de seus descendentes, inclusive referentes à própria sobrevivência. Embora, a maioria dos animais ovíparos não possua cuidado parental, ao nascerem, os filhotes têm a possibilidade de alimentar-se da própria reserva vitelínica contida nos ovos – ovos telolécitos, com grande quantidade de vitelo – existente nesse micro-habitat. Quantos animais não têm acesso a essa “vantagem alimentar” ao nascer? Essa condição configura uma herança ecológica específica e, portanto, as pressões seletivas, provavelmente, também, serão distintas. Pressões seletivas distintas determinarão

caminhos evolutivos, na maioria das vezes – pois há casos em que a plasticidade fenotípica pode propiciar redundância genética – distintos, mesmo que, a bagagem genética entre esses organismos seja bastante similar.

Além disso, a própria expressão gênica está envolvida em uma pluralidade de mecanismos, mesmo se considerarmos apenas o ambiente celular: sequências de DNA; sistemas estáveis baseados em ciclos de retroalimentação autossustentável; estruturas celulares que são usadas como guia ou molde para a construção de estruturas similares; marcas da cromatina que afetam a expressão gênica; entre outros (Jablonka & Lamb, 2010). Portanto, o genótipo é flexível e pode ser considerado como o conjunto de indicativos do desenvolvimento, interno ao organismo, que permitem a sua construção em caminhos nos quais ele se assemelhe às gerações anteriores – genótipo potencial.

O fenótipo corresponde às características aparentes de um organismo em um determinado momento do desenvolvimento, fruto das interações entre herança genotípica, aspectos aleatórios do desenvolvimento, herança ambiental, aspectos aleatórios do ambiente e ação do organismo sobre seu meio (Justina, Meglhioratti & Caldeira, 2012, p. 70).

A herança biológica, comumente restrita à herança genética, pode ser entendida a partir de uma perspectiva muito mais ampla: o organismo ao longo do desenvolvimento biológico é resultado das interações com ele próprio, do fenótipo anterior, do genótipo potencial e do seu ambiente. Assim, além das especificações carregadas pelas moléculas de DNA, os padrões de herança são, faticamente, afetados também pelo ambiente físico, incluindo a herança ambiental e os fatores ambientais aleatórios (Justina, Meglhioratti & Caldeira, 2012).

A partir das caracterizações epistêmicas sobre gene, organismo, nicho ecológico e evolução, pudemos perceber que esses conceitos são entidades co-dependentes de um contexto enviesado tanto pela perspectiva micro, quanto pela macro espacial.

Assim, a tentativa de atribuir um eixo único para o conhecimento biológico inviabiliza a pluralidade causal que embasa a própria natureza desse conhecimento. Embora estejamos fazendo referência ao gene, por exemplo, a ação e complexidade desse conceito não emer-

gem apenas a partir do nível molecular/e ou celular. A expressão gênica, o modo de organização e interação do organismo, a ação do ambiente e o processo evolutivo, são efetivamente entendidos, apenas sob uma pluralidade de contextos, que na maioria das vezes, são reduzidos à dimensão em que o conceito está, visivelmente, inserido.

É necessário que entendamos que a molécula de DNA e toda perspectiva genética é parte necessária da rede das interações orgânicas, mas não é suficiente para, sozinha, determinar todas as características do organismo ou das intercorrências evolutivas.

Os exemplos brevemente apresentados neste trabalho suscitam o início de uma discussão acerca de como a natureza integrada da biologia pode ser visualizada nos próprios conceitos biológicos. É de suma importância que esse entendimento sistêmico e integrado dos processos biológicos seja conteúdo dos cursos de formação inicial de biólogos, impondo, portanto um grande desafio à Epistemologia e à Didática da Biologia. É a partir de uma articulação entre a Epistemologia e a Didática, fomentada por exemplos biológicos factíveis de serem visualizados e entendidos pelos alunos, que prospectamos a possibilidade dessa percepção biológica integrada. Assim, o professor precisa recorrer a fontes bibliográficas atualizadas, as quais apontam os avanços da pesquisa empírica, discutindo a inserção das mesmas no campo epistemológico, na (re)estruturação do conceito em questão e, em última instância, em possibilidades de uma reflexão Didática para abordagem em sala de aula.

AGRADECIMENTOS

Agrademos ao apoio financeiro da Capes.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALMEIDA, Ana Maria Rocha; EL-HANI, Charbel Niño. Um exame histórico filosófico da biologia evolutiva do desenvolvimento, *Scientiae Studia*, **8** (1): 9-40, 2010.
- BIZZO, Nello Marco Vincenzo. *Ensino de evolução e história do darwinismo*. São Paulo, 1991. Tese (Doutorado em Educação) – Universidade de São Paulo.

- BRANDON, Robert N. Environment. P. 8186, *in*: KELLER, Evelyn F.; LLOYD, Elisabeth. A. *Keywords in evolutionary biology*. Cambridge: Harvard University Press, 1992.
- CALDEIRA, Ana Maria de Andrade; SILVEIRA, Lauro Frederico Barbosa. O processo evolutivo: uma análise semiótica. *Revista Ciência & Educação*, **5** (1): 95-100, 1998.
- CAPONI, Gustavo. O darwinismo e seu outro: a teoria transformacional da evolução. *Scientiae Studia*, **3** (2): 233-242, 2005.
- CARROLL, Sean B. *Infinitas formas de grande beleza: como a evolução forjou a quantidade de criaturas que habitam o planeta*. Rio de Janeiro: Jorge Zahar, 2006.
- EL-HANI, Charbel Niño. Uma ciência da organização viva: organicismo, emergentismo e ensino de biologia. Pp. 199-244, *in*: SILVA FILHO, Waldomiro. J. (Ed.). *Epistemologia e ensino de ciências*. São Paulo: DP&A, 2002.
- . Between the cross and the sword: the crisis of the gene concept. *Genetics and Molecular Biology*, **30** (2): 297-307, 2007.
- EL-HANI, Charbel Niño; MEYER, Diogo. A evolução da teoria darwiniana. *ComCiência*, **107**: 1-4, 2009.
- ETXEBERRIA, Arantzazu Eduardo; MORENO, Alvaro. La idea de autonomia em biologia: logos. *Anales del Seminario de Metafísica*, **40**: 21-37, 2007.
- FUTUYMA, Douglas. *Biologia evolutiva*. 3. ed. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 2009.
- JABLONKA, Eva; LAMB, Marion, J. *Evolução em quatro dimensões: DNA, comportamento e a história de vida*. São Paulo: Companhia das Letras, 2010.
- JOAQUIM, Leyla Mariane; SANTOS, Vanessa Carvalho; ALMEIDA, Ana Maria Rocha; MAGALHÃES, João Carlo; EL-HANI, Charbel Niño. Concepções de estudantes de graduação de biologia da UFPR e UFBA sobre genes e sua mudança pelo ensino de genética. *VI Encontro Nacional de Pesquisa em Educação em Ciências*, Florianópolis, 2007. *Anais...* Florianópolis: ABRAPEC, 2007.
- JOAQUIM, Leyla Mariane; EL-HANI, Charbel Niño. A genética em transformação: crise e revisão do conceito de gene. *Scientiae Studia*, **8** (1): 93-128, 2010.

- JUSTINA, Lourdes Aparecida Della; MEGLHIORATTI, Fernanda Aparecida; CALDEIRA, Ana Maria de Andrade. A (re)construção de conceitos biológicos na Formação Inicial de professores e proposição de um modelo explicativo para a relação genótipo e fenótipo. *Revista Ensaio*, **14** (3): 5-84, 2012.
- KELLER, Evelyn Fox. *O século do gene*. Belo Horizonte: Crisálida, 2002.
- . The century beyond the gene. *Journal of Biosciences*, **30**: 3-10, 2005.
- LALAND, Kevin, N.; ODLING- SMEE, John; GILBERT, Scott F. Evo-Devo and niche construction: building bridges. *Journal of Experimental Zoology*, **310B**: 549–566, 2008.
- LEWONTIN, Richard. *Biologia como ideologia: a doutrina do DNA*. Ribeirão Preto: FUNPEC-RP, 2000.
- . *A tripla hélice: gene, organismo e ambiente*. São Paulo: Companhia das Letras, 2002.
- MAYR, Ernst. *Biologia, ciência única*. São Paulo: Companhia das Letras, 2005.
- MEGLHIORATTI, Fernanda Aparecida. *O conceito de organismo: uma introdução à epistemologia do conhecimento biológico na Formação Inicial de graduandos de Biologia*. Bauru, 2009. Tese (Doutorado em Educação para Ciência) – Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, campus Bauru.
- MEGLHIORATTI, Fernanda Aparecida; ANDRADE, Mariana Aparecida Bologna Soares; BRANDO, Fernanda da Rocha; CALDEIRA, Ana Maria de Andrade. A compreensão de sistemas biológicos a partir de uma abordagem hierárquica: contribuições para a formação de pesquisadores. *Filosofia e História da Biologia*, **3**: 119-138, 2008.
- MEGLHIORATTI, Fernanda Aparecida; EL-HANI, Charbel Niño; CALDEIRA, Ana Maria de Andrade. O conceito de organismo em uma abordagem hierárquica e sistêmica da Biologia. *Revista da Biologia*, **9** (2): 7-11, 2012.
- ODLING-SMEE, F. John; LALAND, Kevin, N.; FELDMAN, Marcus, W. *Niche construction: the neglected process in evolution*. Princeton: Princeton University Press, 2003.

- OYAMA, Susan, GRIFFITHS, Paul E.; GRAY, Russell, D. *Cycles of contingency: developmental systems and evolution*. Cambridge, MA: MIT Press, 2001.
- PIGLIUCCI, Massimo. Do we need an extended evolutionary synthesis? *Journal compilation. The Society for the Study of Evolution*, **61** (12): 2743-2749, 2007.
- PITOMBO, Maiana Albuquerque; ALMEIDA, Ana Maria Rocha; EL-HANI, Charbel Niño. Conceitos de gene ideias sobre função gênica em livros didáticos de Biologia Celular e Molecular do ensino superior. *Contexto e Educação*, **22** (77): 81-110, 2007.
- RHEINBERGER, Hans-Jörg. Gene concepts: fragments from the perspective of molecular biology. Pp. 219-239, *in*: BEURTON, Peter; FALK, Darrel; RHEINBERGER, Hans-Jörg (Ed.). *The concept of the gene in development and evolution*. Cambridge: Cambridge University Press, 2000.
- RUIZ-MIRAZO Kepa; ETXEBERRIA, Arantza; MORENO, Alvaro; IBÁÑEZ, Jesús. Organisms and their place in biology. *Theory in biosciences*, **119** (3-4): 209-233, 2000.

Data de submissão: 26/11/2014

Aprovado para publicação: 23/04/2015