

MODELO DIDÁTICO APLICADO NO CURSO DE LICENCIATURA EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS DA UFR/MT PARA INTERPRETAÇÃO GENOTÍPICA DO TIPO SANGUÍNEO DEDUZIDO PELA SEQUÊNCIA HIPOTÉTICA DE DNA

Mauro Osvaldo Medeiros¹

Sueli Maria Alves¹

Marcelo Teiji Kimura²

RESUMO: No organismo humano, o sistema de grupo sanguíneo ABO, representa um caso típico de alelos múltiplos, onde de forma dominante e recessiva, os alelos: I^A, I^B e i, definem a existência de 6 genótipos e 4 fenótipos distintos. Sendo que nos testes de tipagem sanguínea para a identificação dos mesmos, o resultado só apresenta o fenótipo, não sendo possível identificar se o tipo sanguíneo é homocigoto ou heterocigoto. Deste modo, esse trabalho teve por objetivo apresentar uma simulação de como podem ser identificadas através do processo de reações de aglutinação e pelo método de análise com o uso de enzimas de restrição em amostras de DNA, a variabilidade genética dos fenótipos eritrocitários do sistema ABO humano. Para a realização dessa atividade foi disposto aos estudantes uma representação figural/simbólica/numérica de um grupo de 12 pessoas envolvidas em amostras de reações de aglutinação para a identificação das classes fenotípicas sanguínea e onde também foram aplicadas técnicas de análise de identificação baseadas no DNA, comparando o perfil genético das amostras de sangue. Concluiu-se que o modelo didático descrito, pode ser estrategicamente aplicado como um eixo integrador de temas que envolvem a genética e a biologia molecular, facilitando a compreensão de como o uso da enzima de restrição proporciona a determinação das características genotípicas dos grupos sanguíneos do sistema ABO.

Palavras-chave: Ensino-aprendizagem, sistema ABO, biologia molecular, enzima de restrição.

DIDACTIC MODEL APPLIED IN THE DEGREE COURSE IN BIOLOGICAL SCIENCES AT UFR/MT FOR GENOTYPIC INTERPRETATION OF BLOOD TYPE DEDUCTED BY THE HYPOTHETICAL DNA SEQUENCE

ABSTRACT: In the human organism, the ABO blood group system represents a typical case of multiple alleles, where in a dominant and recessive way, the alleles: I^A, I^B and i, define the existence of 6 genotypes and 4 distinct phenotypes. Since in blood typing tests for their identification, the result only shows the phenotype, and it is not possible to identify whether the blood type is homozygous or heterozygous. Thus, this work aimed to present a simulation of how they can be identified through the process of agglutination reactions and the method of analysis with the use of restriction enzymes in DNA samples, the genetic variability of the erythrocyte phenotypes of the human ABO system. To carry out this activity, students were provided with a figural/symbolic/numerical representation of a group of 12 people involved in samples of agglutination reactions for the identification of blood phenotypic classes and where DNA-based identification analysis techniques were also applied, comparing the genetic profile of blood samples. It was concluded that the described didactic model can be strategically applied as an integrating axis of themes that involve genetics and molecular biology, facilitating the understanding of how the use of the restriction enzyme influences the determination of the genotypic characteristics of the blood groups of the system ABO.

Keywords: Teaching-learning, ABO system, molecular biology, restriction enzyme.

¹Professor Associado do Dep. Biologia ICEN/CUR/UFMT: mauroosvaldo@bol.com.br; sumalves@yahoo.com.br;

²Biólogo/UFMT/CUR/UFMT - Rondonópolis, MT: marcelokimura99@gmail.com

INTRODUÇÃO

A Genética é um ramo da Biologia que vem sofrendo grandes mudanças devido às numerosas pesquisas, em especial as realizadas na área da Biologia Molecular que tem contribuído para o entendimento dos processos hereditários. No entanto, as vezes esses conhecimentos não chegam ao aluno de forma acessível. O que torna favorável para uma mistificação desta área como algo de difícil assimilação e compreensão pelos estudantes.

No organismo humano, o sistema de grupo sanguíneo ABO, representa um caso típico de alelos múltiplos, onde de forma dominante e recessiva, os alelos: I^A , I^B e i , definem a existência de 6 genótipos e 4 fenótipos distintos. Sendo que nos testes de tipagem sanguínea para a identificação dos mesmos, o resultado só apresenta o fenótipo, não sendo possível identificar se o tipo sanguíneo é homocigoto ou heterocigoto.

Os grupos sanguíneos do sistema ABO, são determinados geneticamente, onde a herança é condicionada por três variações do alelo. Isso significa que, os três alelos podem se combinar em pares para a determinação do tipo sanguíneo. Os alelos I^A e I^B são codominantes entre si e ambos são dominantes em relação a i . Os genótipos possíveis para o tipo sanguíneo A são $I^A I^A$ ou $I^A i$; para o tipo B, podem ser $I^B I^B$ ou $I^B i$; para o tipo AB, é $I^A I^B$; e, por fim, o tipo sanguíneo O possui um genótipo ii .

Este tipo de herança genética é denominado de alelos múltiplos ou polialelia, porque, apesar de apenas dois alelos em conjunto expressarem a característica, pode haver mais do que apenas um alelo dominante e um recessivo para se combinar. Esse tipo de polialelia surgiu por mutações de um alelo ao invés de apresentar apenas I^A , o gene pode ter os alelos I^B e i .

Esses três tipos de genes alelos não podem estar todos no material genético de um mesmo indivíduo, pois, no material genético de uma pessoa normal só podem existir (sai apenas) dois genes alelos, um que é herdado do pai e outro da mãe, os quais se expressarão, dentro do limite da dominância entre eles. Porém, esses múltiplos alelos podem coexistir dentro de um nível populacional, em que diferentes indivíduos podem ter diferentes combinações de pares desses alelos, e múltiplos fenótipos correspondentes.

A explicação para a coexistência polialélica, deriva dos processos mutagênicos produzindo séries alélicas selecionadas e adaptadas ao ambiente.

Desta forma, foi pensado um modelo didático para ser aplicado aos alunos do Curso de Licenciatura em Ciências Biológicas da UFR/MT dentro da disciplina de Genética, para abordar o conteúdo de DNA relacionado aos possíveis genótipos para o tipo sanguíneo A; para o tipo B; para o tipo AB; e, para o tipo sanguíneo O.

Nesse contexto e considerando o exposto nas Orientações Curriculares Nacionais para o Ensino (Brasil, 2008), as habilidades necessárias para que se desenvolva o espírito investigativo nos alunos não estão associadas a laboratórios modernos, com equipamentos sofisticados.

Dessa forma, esse estudo propõe o uso de um modelo didático como aula prática investigativa para colaborar na construção da alfabetização científica dos alunos licenciandos, contemplando pressupostos divulgado pelo Ministério da Educação (Brasil, 2009). Os eixos citados destacam a necessidade de desenvolver nos estudantes a compreensão de fenômenos naturais, o enfrentamento de situações problema, a construção de argumentação e a elaboração de propostas, na tentativa de melhorar não só o desempenho escolar, mas também a formação de cidadãos mais críticos e conscientes.

Assim, esse modelo didático consiste numa simulação prática de uma análise genética do sistema de grupo sanguíneo ABO de um grupo fictício de pessoas, onde com esta atividade,

os alunos poderão consolidar conhecimentos teóricos de hereditariedade mendeliana clássica autossômica e de polialelia, com o uso de enzimas de restrição e eletroforese em gel na identificação de variantes genéticas e padrões de hereditariedade. Além da teoria, a atividade integra, ainda, a componente tecnológica e promove a aprendizagem de técnicas de biologia molecular. Deste modo, esse trabalho teve por objetivo apresentar uma simulação de como pode ser identificada a variabilidade genética dos fenótipos eritrocitários do sistema ABO humano, através do processo de reações de aglutinação e pelo método de análise com o uso de enzimas de restrição em amostras de DNA.

MATERIAL E MÉTODOS

O estudo foi realizado na Universidade Federal do município de Rondonópolis do Estado de Mato Grosso, utilizando-se do método quanti-qualitativo de natureza estruturada, destacando as aplicações do DNA e sua importância na identificação das classes genotípicas de fenótipos eritrocitários do sistema ABO humano.

Os sujeitos de estudo foram 28 (vinte e oito) alunos do Curso de Licenciatura em Ciências Biológicas do Instituto de Ciências Exatas e Naturais, sendo 36,0% de sexo masculino e 64,0% de sexo feminino, com faixa etária entre 18 e 36 anos.

Para a resolução da atividade foi elaborado uma sequência didática dividida em duas aulas, de 50 minutos/cada. A atividade de investigação foi organizada em dois momentos, da seguinte forma:

A primeira aula (50 min) foi composta pela parte introdutória (Figura 1) do tema abordado, de maneira que os alunos pudessem se contextualizar, compreender e se envolver com o tema relacionado. E nesse sentido, os alunos foram orientados para o estudo de genética e de biologia molecular, a fim de que adquirissem conhecimentos ligados a casos de polialelismo associados ao DNA.

Na segunda aula (50 min) foi aplicado um experimento simulando as composições aleatórias considerando um grupo de 12 pessoas (Figura 2), que envolveu conceitos e reações de aglutinação para identificação das classes fenotípicas sanguínea e identificação da variabilidade genética pelo método de análise do DNA (Figura 3), para que os alunos apresentassem as diferentes maneiras de obter amostras de sangue, com as duas versões de classes de grupo sanguíneo do sistema ABO humano: fenotípicas e genotípicas.

Estratégia do modelo didático proposto

De acordo com o objetivo proposto, os modelos didáticos (Figuras 1, 2 e 3), foram elaboradas após vários estudos, como representação didática e fonte de informação, que fosse, para os licenciandos em biologia, de fácil acesso, manipulação, confecção e aplicação, possibilitando a oportunidade de desenvolver consciência crítica, responsabilidade e gosto pela pesquisa, qualidades importantes para a formação de um bom estudante.

A estratégia seguida foi a de coleta de dados em uma pesquisa (Figuras 2 e 3), analisando através dos fenótipos do sistema ABO, as diferenças fenotípicas e genotípicas de grupos sanguíneos de um grupo de 12 pessoas. As informações coletadas foram organizadas em tabelas para se ter um melhor entendimento das diferentes opções de respostas escolhidas pelos alunos.

Apresentação e estratégia de resolução da situação-problema

Basicamente, nos seres humanos em testes de tipagem sanguínea, os resultados podem apresentar os fenótipos de grupos sanguíneos do Tipo A, Tipo B, Tipo O e Tipo AB, não sendo possível identificar se o indivíduo do tipo A ou B é homocigoto ou heterocigoto.

Esses quatro fenótipos representam a expressão de três genes alelos distintos de um mesmo locus, denominados: I^A , I^B e i .

Assim, para a realização dessa atividade dispomos aos estudantes uma representação figural/simbólica/numérica de um grupo de 12 pessoas (Figura 2) envolvidas em amostras de reações de aglutinação para a identificação das classes fenotípicas sanguínea e onde também foram aplicadas técnicas de análise de identificação baseadas no DNA, comparando o perfil genético das amostras de sangue (Figura 3).

Desse modo, o roteiro de modelo didático proposto, ilustrou dois estudos de caso, no primeiro (Figura 2), hipotetizamos através do processo de tipagem sanguínea a presença dos quatro diferentes fenótipos de grupos sanguíneos que foram utilizadas no segundo caso para identificação da variabilidade genética (Figura 3) com o propósito de que os alunos, pelo método de análise do DNA, verificassem, como podem ser identificados a existência de três classes de genótipos homocigotos ($I^A I^A$; $I^B I^B$; ii) e três classes de genótipos heterocigotos ($I^A i$; $I^B i$; $I^A I^B$).

Assim, o desenvolvimento do estudo favoreceu o raciocínio das relações entre os genes alelos mendelianos associados a polialelia e do uso de enzimas de restrição para a identificação das variantes genéticas existentes nesse grupo de indivíduos. Os parâmetros que se utilizaram para descrever a existência das classes fenotípicas e genotípicas nesse grupo de pessoas foram a relação de dominância $I^A = I^B > i$, bem como as seguintes relações genótipo/fenótipo: I^A determinante da produção de aglutinogênio A; I^B determinante da produção de aglutinogênio B e i não determinante da produção de aglutinogênios.

Cada aluno recebeu previamente o material da aula (Modelos didáticos 1, 2 e 3), podendo utilizar os esquemas e resumos da explicação expostos no quadro.

Modelo didático 1.

O modelo didático (Figura 1) teve por finalidade apresentar uma simulação prática de como podem ser identificadas pelo processo de reações de aglutinação, a variabilidade de classes fenotípicas e genotípicas do sistema ABO humano.











Reação com		Aglutinogênios nas hemácias	Aglutininas no plasma	Fenótipo	Genótipo
Anti - A	Anti - B				
					
					
					
					

Figura 1. Modelo didático confeccionado com perspectivas de utilização no processo de ensino e aprendizagem de genética, mostrando uma relação de dados de testes sorológicos que ocorrem naturalmente nas reações de aglutinação do sistema sanguíneo ABO e, que permitem reconhecer os fenótipos dos tipos sanguíneos para o sistema ABO com os reagentes Anti-A e Anti-B.

*O sinal () indica aglutinação e o sinal () ausência de aglutinação

Modelo didático 2.

O modelo didático (Figura 2) ilustra 12 amostras de tipagens sanguíneas humanas, na qual gotas de sangue foram colocadas em contato com anticorpos Anti-A e Anti-B, posicionados da esquerda para a direita na lâmina. Tendo por finalidade correlacionar os fenótipos obtidos a partir do processo de reações de aglutinação com os reagentes Anti-A e Anti-B, aos genótipos, identificando as amostras que podem ser responsáveis pelas classes genotípicas homocigotas e heterocigotas.







































Amostras	Reações com anticorpos
01	 { Anti-A  Anti-B 
02	 { Anti-A  Anti-B 
03	 { Anti-A  Anti-B 
04	 { Anti-A  Anti-B 
05	 { Anti-A  Anti-B 
06	 { Anti-A  Anti-B 
07	 { Anti-A  Anti-B 
08	 { Anti-A  Anti-B 
09	 { Anti-A  Anti-B 
10	 { Anti-A  Anti-B 
11	 { Anti-A  Anti-B 
12	 { Anti-A  Anti-B 

Figura 2. Modelo didático confeccionado com perspectivas de utilização no processo de ensino e aprendizagem de genética, mostrando uma relação de dados de testes sorológicos que ocorrem naturalmente nas reações de aglutinação do sistema sanguíneo ABO e, que permitem reconhecer os fenótipos dos tipos sanguíneos para o sistema ABO com os reagentes Anti-A e Anti-B.

*O sinal () indica aglutinação e o sinal () ausência de aglutinação

Modelo didático 3.

O modelo didático (Figura 3), foi elaborado associando biologia molecular e genética. Nessa atividade de caráter investigativo, foi aplicado o uso do exame de DNA em teste de identificação das classes genotípicas do sistema sanguíneo ABO. Os alunos receberam amostras que simulavam pares de cromossomos homólogos H1 e H2, devidamente identificados por letras. A letra A corresponde à base Adenina, a letra T corresponde à base Timina, a letra C corresponde à base Citosina e a letra G corresponde à base Guanina. A finalidade foi analisar o DNA com a enzima de restrição Nar I que é capaz de reconhecer unidades de repetições GGCGCC nos cromossomos homólogos H1 e H2, permitindo a identificação simbólica dos genes alelos: I^A, I^B, i de seis homens e seis mulheres. Quando a sequência GGCGCC fosse encontrada, os alunos deveriam destacar, colorindo artificialmente de verde. Em seguida deveriam contar e registrar o número de unidades de repetições GGCGCC em cada par dos cromossomos homólogos H1 e H2.

Em um cromossomo, existem diferentes genes, os quais determinam diferentes características. As formas alternativas de um determinado gene são denominadas de alelos e estão localizadas em uma mesma posição em cromossomos homólogos (cromossomos geneticamente equivalentes). Assim, a análise do DNA é um método que permite determinar com precisão os indivíduos que possuem os genótipos homozigotos ou heterozigotos.













Amostras	Sequência de DNA em cromossomos homólogos H1 e H2
01	 { H1: TGGCACCAAGGCACCCGGCGCCGAGGCGCC H2: TGGCACCAAGGCACCCGGCGCCGAGGCACC
02	 { H1: TGGCGCCAAGGCACCCGGCGCCGAGGCGCC H2: TGGCACCAAGGCACCCGGCGCCGAGGCACC
03	 { H1: TGGCACCAAGGCACCCGGCGCCGAGGCGCC H2: TGGCACCAAGGCACCCGGCGCCGAGGCGCC
04	 { H1: TGGCACCAAGGCACCCGGCGCCGAGGCGCC H2: TGGCACCAAGGCACCCGGCGCCGAGGCACC
05	 { H1: TGGCGCCAAGGCACCCGGCGCCGAGGCGCC H2: TGGCACCAAGGCACCCGGCGCCGAGGCGCC
06	 { H1: TGGCACCAAGGCACCCGGCGCCGAGGCACC H2: TGGCGCCAAGGCACCCGGCGCCGAGGCGCC
07	 { H1: TGGCACCAAGGCACCCGGCGCCGAGGCGCC H2: TGGCGCCAAGGCACCCGGCGCCGAGGCGCC
08	 { H1: TGGCGCCAAGGCACCCGGCGCCGAGGCGCC H2: TGGCGCCAAGGCACCCGGCGCCGAGGCGCC
09	 { H1: TGGCACCAAGGCACCCGGCGCCGAGGCACC H2: TGGCACCAAGGCACCCGGCGCCGAGGCACC
10	 { H1: TGGCACCAAGGCACCCGGCGCCGAGGCGCC H2: TGGCACCAAGGCACCCGGCGCCGAGGCGCC
11	 { H1: TGGCGCCAAGGCACCCGGCGCCGAGGCGCC H2: TGGCGCCAAGGCACCCGGCGCCGAGGCGCC
12	 { H1: TGGCACCAAGGCACCCGGCGCCGAGGCACC H2: TGGCACCAAGGCACCCGGCGCCGAGGCACC

Figura 3. Modelo didático confeccionado com perspectivas de utilização no processo de ensino e aprendizagem de genética, mostrando uma relação de sequências hipotéticas de nucleotídeos de DNA dos cromossomos homólogos H1 e H2, que permitem reconhecer os genes alelos: I^A , I^B , i , responsáveis pelos grupos sanguíneos do sistema ABO dos indivíduos mencionados na Figura 2.

RESULTADOS E DISCUSSÕES

O sangue do nosso corpo é formado por dois componentes, as células e o líquido entre as células, que é o plasma. As células são constituídas por dois tipos, os glóbulos vermelhos ou hemácias e os glóbulos brancos ou leucócitos. O número de glóbulos brancos é apenas de 1/500

do de glóbulos vermelhos, de modo que, para muitos fins, pode-se considerar o sangue como mistura simples de plasma e de glóbulos vermelhos.

O primeiro sistema de grupo sanguíneo humano descrito foi o ABO e por este motivo é identificado com a nomenclatura ISBT 001. Possui quatro diferentes fenótipos: tipo A, tipo B, tipo AB e tipo O. A existência desses diferentes tipos sanguíneos, descoberta pelo médico austríaco Karl Landsteiner (1868-1943) no século XX, foi fundamental para a história da medicina, uma vez que permitiu o desenvolvimento de técnicas de transfusão.

Interpretação fenotípica do tipo sanguíneo deduzido na presença dos reagentes.

Modelo didático 1.

O fenótipo do tipo sanguíneo de uma pessoa é determinado verificando-se a existência ou não de aglutinação nas hemácias. De acordo com Paulino (2009), o método usual para a tipagem do sangue é a técnica da lâmina. Nesta técnica, uma gota de sangue é coletada da pessoa que deve ser tipada. Essa amostra é diluída cerca de 50 vezes com solução salina, para que seja obtida uma suspensão de glóbulos vermelhos. Duas gotas dessa suspensão são colocadas separadamente sobre lâmina de microscópio e uma gota de soro com aglutinina Anti-A é adicionada a uma das gotas, enquanto que uma gota de soro com aglutinina Anti-B é adicionada à outra. Após esperar por alguns minutos para que ocorra a reação de aglutinação, a lâmina é observada ao microscópio, a fim de determinar se houve ou não aglutinação dos glóbulos. Em caso de ocorrência, é o sinal de que houve reação entre o soro e os glóbulos.

Trata-se de um teste qualitativo utilizado de forma demonstrativa para **detectar a presença de** aglutinogênios (antígenos) e aglutininas (anticorpos), por reação de aglutinação pelo método rápido em lâmina. Nessa etapa, a partir da aglutinação que foi caracterizada pela formação de agregados visíveis, o aluno pode identificar quais antígenos e anticorpos naturais estão presentes no grupo sanguíneo ABO como também descobrir se o fenótipo do indivíduo é tipo A, AB, B ou O e os genes alelos: I^A , I^B e i .

Cada um dos grupos sanguíneos é definido de acordo com a presença ou ausência de aglutinogênios e aglutininas. Segundo Guyton (1988), visto que a presença dos antígenos tipo A e B nos glóbulos os tornam suscetíveis de aglutinação, esses antígenos são chamados de aglutinogênios. Assim, dois antígenos diferentes, mas relacionados ao tipo A e tipo B, ocorrem nas membranas dos glóbulos vermelhos das pessoas. Pelo modo como esses antígenos são herdados dos ascendentes, um descendente pode apresentar apenas um deles, ou os dois ao mesmo tempo.









A Tabela 1, foi organizada informando qual aglutinogênio está presente nas hemácias e qual aglutinina está presente no plasma. Desse modo, as imagens ilustram os resultados de reações dos testes de tipagem sanguínea com os soros Anti-A e Anti-B, ocorridas para quatro amostras de sangue. O sinal (⊗) indicando que houve aglutinação e o sinal (⊕) ausência de aglutinação.

Segundo Carvalho (2002) a reação antígeno-anticorpo específica dos grupos sanguíneos leva à aglutinação das hemácias. Isso foi possível de ser observado, pelas respostas obtidas em relação ao que está representado na Tabelas 1. Desta forma, didaticamente, foi observado, que a presença ou ausência de aglutinogênios no sangue das pessoas é expressada pelos genes I^A , I^B ou i . O gene I^A , se expressa em presença do genótipo $I^A i$, manifestando o seu fenótipo. O gene I^B , se expressa em presença $I^B i$ manifestando o seu fenótipo. Assim, os genes I^A e I^B são dominantes sobre o gene i . O gene I^A , por exemplo, vai determinar a produção da enzima que sintetiza o aglutinogênio A. Portanto, se uma pessoa possui o genótipo $I^A I^A$ e uma outra pessoa

apresenta o genótipo $I^A i$, as hemácias de ambas apresentarão o aglutinogênio A, ou seja, elas apresentarão tipo sanguíneo A. O gene I^B , vai determinar a produção da enzima que sintetiza o aglutinogênio B. Portanto, se uma pessoa possui o genótipo $I^B I^B$ e uma outra pessoa apresenta o genótipo $I^B i$, as hemácias de ambas apresentarão o aglutinogênio B, ou seja, elas apresentarão tipo sanguíneo B. As pessoas de tipo AB possuem genótipo $I^A I^B$, pois não há dominância entre esses dois genes. Essas pessoas vão ser capazes de sintetizar os dois tipos de aglutinogênios A e B. O gene i , vai determinar a ausência de produção de aglutinogênios e, portanto, não são aglutinados pelo soro Anti-A ou pelo soro Anti-B. Desse modo, quando nem o aglutinogênio A nem o B estão presentes, o fenótipo sanguíneo é o tipo O.

Segundo Korf (2009); Rahorst & Westhoff (2019), no plasma do sangue, podemos identificar dois anticorpos que são as aglutininas Anti-A e Anti-B. Dessa forma, os indivíduos que integram o grupo sanguíneo A possuem aglutinogênios A e aglutininas Anti-B. Os que integram o grupo sanguíneo B possuem aglutinogênio B e aglutininas Anti-A. Indivíduos que possuem o grupo sanguíneo AB possuem aglutinogênio A e aglutinogênio B, e por isso não possuem nenhuma das duas aglutininas. E por fim, pessoas que integram o grupo O, possuem aglutininas Anti-A e aglutininas Anti-B, portanto não possuem aglutinogênio. Essas relações entre os antígenos e anticorpos dos quatro grupos sanguíneos, segundo o esquema clássico de Landsteiner, estão resumidas na Tabela 1.

Tabela 1. Processo de identificação fenotípica da tipagem sanguínea do sistema ABO

Amostras	Reação com		Aglutinogênios nas hemácias	Aglutininas no plasma	Fenótipo	Genótipo
	Anti - A	Anti - B				
a)			A	Anti-A	A	$I^A I^A$ ou $I^A i$,
b)			B	Anti-B	B	$I^B I^B$ ou $I^B i$
c)			AB	Nenhum	AB	$I^A I^B$
d)			Nenhum	Anti-A e Anti-B	O	ii
Total			2	2	4	6

*O sinal () indica aglutinação e o sinal () ausência de aglutinação

Interpretação genotípica do tipo sanguíneo deduzido na presença dos reagentes

Modelo didático 2.





















































































A Tabela 2, foi organizada para informar o gene que está se expressando, manifestando o seu fenótipo e também o possível genótipo da amostra. O levantamento pode ser feito de forma visual, permitindo descobrir que a presença ou ausência de aglutinogênios no sangue das pessoas foi determinada pelos genes I^A , I^B ou i . Das 12 amostras analisadas, verificaram-se 4 variações fenotípicas de sangue, sendo: 4 amostras expressando o gene I^A , fenótipo A e genótipo $I^A _$; 4 amostras expressando o gene I^B , fenótipo B e genótipo $I^B _$; 2 amostras expressando os dois genes I^A e I^B , fenótipo AB e genótipo $I^A I^B$ e 2 amostras expressando o gene i fenótipo O e genótipo ii . Desse modo, em testes de tipagem sanguínea, os resultados só podem



apresentar os fenótipos e um dos alelos dos genes, não sendo possível identificar se os indivíduos que possuem fenótipos do tipo A ou B terão genótipos homocigoto ou heterocigoto.

Assim, pela análise das informações em relação à presença ou ausência de aglutinogênios, só podem ser determinados os genótipos heterocigotos $I^A I^B$ das amostras 05 e 07, porque possuem os dois aglutinogênios A e B e é aglutinado pelas duas aglutininas Anti-A e Anti-B; e os genótipos homocigoto ii das amostras 09 e 12, porque os glóbulos vermelhos do grupo O não possuem aglutinogênios e, portanto, não são aglutinados pelo soro Anti-A ou pelo soro Anti-B. Em relação as amostras 01, 03, 04 e 10 que correspondem ao grupo A e 02, 06, 08 e 11 correspondentes ao grupo B, os genótipos são, respectivamente, indeterminados, apresentando os mesmos genótipos ($I^A_$ e $I^B_$) e fenótipos. Desse modo, foi observado que o gene I^A , se expressa em presença dos genótipos $I^A I^A$ e $I^A i$, manifestando o seu fenótipo. O gene I^B , se expressa em presença de $I^B I^B$ e $I^B i$, manifestando o seu fenótipo. Sendo que, entre os alelos I^A e I^B , ocorre **codominância**, ou seja, ambos os alelos se expressam. Verificando-se então que o caráter tipo sanguíneo sistema ABO é controlado por um gene, com 3 alelos e com a seguinte ordem de dominância $I^A = I^B > i$. Esses alelos são formas alternativas do mesmo gene, ocupando uma mesma posição relativa em cromossomos homólogos.

Assim sendo, nessas 12 amostras de sangue (Tabela 2), que são de organismos diplóides, são possíveis a ocorrência de 6 diferentes tipos de genótipos: $I^A I^A$, $I^A i$, $I^B I^B$, $I^B i$, $I^A I^B$ e ii que expressam quatro tipos fenótipos A, B, AB e O. Porém, observou-se que nos indivíduos (01, 03, 04 e 10) que possuem fenótipos do tipo A e nos indivíduos (02, 06, 08 e 11) que possuem fenótipos do tipo B não é possível identificar se os seus genótipos são homocigotos ou heterocigotos.

Tabela 2. Resultados das reações sorológicas de aglutinação do sangue, obtidas com os reagentes Anti-A e Anti-B, permitindo reconhecer os fenótipos e um dos alelos dos grupos sanguíneos do sistema ABO dos indivíduos da Figura 2.

Amostras	Reações com anticorpos	Fenótipos	Genes alelos	Genótipos				
01	 { <table border="1" data-bbox="571 369 762 452"> <tr> <td>Anti-A</td> <td>Anti-B</td> </tr> <tr> <td></td> <td></td> </tr> </table>	Anti-A	Anti-B			Grupo A	I^A	$I^A _$
Anti-A	Anti-B							
								
02	 { <table border="1" data-bbox="571 459 762 542"> <tr> <td>Anti-A</td> <td>Anti-B</td> </tr> <tr> <td></td> <td></td> </tr> </table>	Anti-A	Anti-B			Grupo B	I^B	$I^B _$
Anti-A	Anti-B							
								
03	 { <table border="1" data-bbox="571 548 762 631"> <tr> <td>Anti-A</td> <td>Anti-B</td> </tr> <tr> <td></td> <td></td> </tr> </table>	Anti-A	Anti-B			Grupo A	I^A	$I^A _$
Anti-A	Anti-B							
								
04	 { <table border="1" data-bbox="571 638 762 721"> <tr> <td>Anti-A</td> <td>Anti-B</td> </tr> <tr> <td></td> <td></td> </tr> </table>	Anti-A	Anti-B			Grupo A	I^A	$I^A _$
Anti-A	Anti-B							
								
05	 { <table border="1" data-bbox="571 728 762 810"> <tr> <td>Anti-A</td> <td>Anti-B</td> </tr> <tr> <td></td> <td></td> </tr> </table>	Anti-A	Anti-B			Grupo AB	I^A e I^B	$I^A I^B$
Anti-A	Anti-B							
								
06	 { <table border="1" data-bbox="571 817 762 900"> <tr> <td>Anti-A</td> <td>Anti-B</td> </tr> <tr> <td></td> <td></td> </tr> </table>	Anti-A	Anti-B			Grupo B	I^B	$I^B _$
Anti-A	Anti-B							
								
07	 { <table border="1" data-bbox="571 907 762 990"> <tr> <td>Anti-A</td> <td>Anti-B</td> </tr> <tr> <td></td> <td></td> </tr> </table>	Anti-A	Anti-B			Grupo AB	I^A e I^B	$I^A I^B$
Anti-A	Anti-B							
								
08	 { <table border="1" data-bbox="571 996 762 1079"> <tr> <td>Anti-A</td> <td>Anti-B</td> </tr> <tr> <td></td> <td></td> </tr> </table>	Anti-A	Anti-B			Grupo B	I^B	$I^B _$
Anti-A	Anti-B							
								
09	 { <table border="1" data-bbox="571 1086 762 1169"> <tr> <td>Anti-A</td> <td>Anti-B</td> </tr> <tr> <td></td> <td></td> </tr> </table>	Anti-A	Anti-B			Grupo O	i	ii
Anti-A	Anti-B							
								
10	 { <table border="1" data-bbox="571 1176 762 1258"> <tr> <td>Anti-A</td> <td>Anti-B</td> </tr> <tr> <td></td> <td></td> </tr> </table>	Anti-A	Anti-B			Grupo A	I^A	$I^A _$
Anti-A	Anti-B							
								
11	 { <table border="1" data-bbox="571 1265 762 1348"> <tr> <td>Anti-A</td> <td>Anti-B</td> </tr> <tr> <td></td> <td></td> </tr> </table>	Anti-A	Anti-B			Grupo B	I^B	$I^B _$
Anti-A	Anti-B							
								
12	 { <table border="1" data-bbox="571 1355 762 1438"> <tr> <td>Anti-A</td> <td>Anti-B</td> </tr> <tr> <td></td> <td></td> </tr> </table>	Anti-A	Anti-B			Grupo O	i	ii
Anti-A	Anti-B							
								

*O sinal () indica aglutinação e o sinal () ausência de aglutinação

Interpretação das classes genotípicas do sistema ABO deduzido pela sequência hipotética de DNA dos cromossomos homólogos H1 e H2.

Modelo didático 3.

A Tabela 3, foi organizada cruzando as informações genéticas de DNA de 12 pares de sequências de nucleotídeos de DNA em cromossomos homólogos H1 e H2 com aquelas encontradas nos resultados das reações sorológicas de aglutinação do sangue, obtidas com os reagentes Anti-A e Anti-B (Tabela 2), em situações que permitem reconhecer os três genes que irão atuar na formação do tipo sanguíneo e das classes de genótipos homocigotas e heterocigotas. Esse levantamento pode ser feito de forma visual, permitindo descobrir que a presença ou ausência de aglutinogênios no sangue das pessoas foi determinada pelos genes I^A , I^B ou i . Segundo Ferguson & Smith (1976); Snustad & Gardner (2013), o gene que determina

o grupo ABO está localizado no braço longo do cromossomo 9, na posição 9q34.1-q34.2. E segundo Nakamura et al. (1995) este gene é composto por sete exons e compreende aproximadamente de 18 a 20 pares de quilobases (kbp).

Para compreendermos como as classes de genótipos do sistema ABO podem ser identificadas via sequência de nucleotídeos de DNA em cromossomos homólogos H1 e H2, é preciso conhecer a sequência em que as quatro bases nucleotídicas (Adenina, Guanina, Citosina e Timina) ocorrem dentro desses pares de cromossomos homólogos. Nesse processo foi utilizado, além do DNA a ser examinado, uma enzima chamada Nar I que reconhece os alelos (que determinam os antígenos A e B) em cromossomos homólogos H1 e H2, permitindo identificar o polimorfismo genético ou múltiplos alelos (I^A , I^B , i) que coexistem dentro de um nível populacional. Esses alelos são os responsáveis pela presença dos fenótipos A, B, AB e O (Tabelas 2 e 3).

Para comparar o DNA das doze pessoas envolvidas, é necessário que a variação genética seja detectada e de alguma forma visualizada. Sendo assim, os alunos foram orientados a procurar ao longo da sequência de nucleotídeos o sítio de restrição da enzima Nar I. Esta enzima reconhece seis bases toda vez que encontra a sequência (GGCGCC) ou (CCGCGG).

O passo seguinte foi o de destacar, colorindo artificialmente de verde, os sítios de restrição da enzima Nar I em cada um dos cromossomos homólogos H1 e H2.













O próximo passo foi o de comparar cada um dos cromossomos homólogos H1 e H2, registrando o número de sequências de hexanucleotídeos (GGCGCC) encontradas.

Desse modo, pode-se notar na Tabela 3, que o número de vezes que a sequência de hexanucleotídeos (GGCGCC) se repete em relação aos cromossomos homólogos H1 e H2, varia, tornando possível representar os diferentes alelos do perfil genético dos indivíduos, que são definidos pelo número de repetições que cada um dos cromossomos apresenta, sendo possível gerar um perfil genético praticamente exclusivo, algo que se assemelha a uma impressão digital de cada indivíduo.

Para construção do perfil genético, observamos que cada indivíduo tem um par de cromossomos homólogos, podendo ocorrer números iguais ou diferentes de sequência de hexanucleotídeos (GGCGCC). Assim, constatou-se que o gene alelo (i) é codificado por ser observado apenas uma sequência de hexanucleotídeos, o gene alelo (I^A) por duas sequências de hexanucleotídeos e o gene alelo (I^B) por três sequências de hexanucleotídeos. Assim, percebeu-se que esses três genes alelos não estão todos no material genético de um indivíduo, pois no material genético de um organismo existem apenas dois genes alelos, sendo um procedente do pai e outro da mãe, os quais se expressarão, dentro do limite da dominância entre eles. Porém, esses múltiplos alelos podem coexistir dentro de um nível populacional, em que diferentes indivíduos podem ter diferentes combinações de pares desses alelos, e múltiplos fenótipos correspondentes.

Para facilitar a compreensão, na Tabela 3, estão ilustradas todas as classes genotípicas referentes ao número de sequências de hexanucleotídeos (GGCGCC) que foram observadas nos 12 pares de cromossomos homólogos H1 e H2. Verificaram-se 4 variações fenotípicas de sangue, sendo: 4 amostras expressando o gene I^A , fenótipo A (duas de genótipos $I^A I^A$ e duas de genótipos $I^A i$); 4 amostras expressando o gene I^B , fenótipo B, (duas de genótipos $I^B I^B$ e duas de genótipos $I^B i$); 2 amostras expressando os dois genes I^A e I^B , fenótipo AB e genótipo $I^A I^B$ e 2 amostras expressando o gene i fenótipo O e genótipo ii. Sendo possível, identificar os indivíduos que possuem fenótipos do tipo A ou B de genótipos homozigotos e heterozigotos.

Tabela 4. Resultados das sequências de DNA do sistema sanguíneo ABO, realizada com uma mesma enzima de restrição Nar I que é capaz de reconhecer unidades de repetições GGCGCC em cromossomos homólogos H1 e H2, permitindo identificar os genes alelos: I^A , I^B , i dos indivíduos da Figura 2.

Amostras	Sequência de DNA em cromossomos homólogos H1 e H2	Genes alelos	Genótipos	Fenótipos
01	 { H1: TGGCACCAAGGCACCC GGCGCC GA GGCGCC H2: TGGCACCAAGGCACCC GGCGCC GAGGCACC	H1 = I^A H2 = i	$I^A i$	Grupo A
02	 { H1: T GGCGCC AAGGCACCC GGCGCC GA GGCGCC H2: TGGCACCAAGGCACCC GGCGCC GAGGCACC	H1 = I^B H2 = i	$I^B i$	Grupo B
03	 { H1: TGGCACCAAGGCACCC GGCGCC GA GGCGCC H2: TGGCACCAAGGCACCC GGCGCC GA GGCGCC	H1 = I^A H2 = I^A	$I^A I^A$	Grupo A
04	 { H1: TGGCACCAAGGCACCC GGCGCC GA GGCGCC H2: TGGCACCAAGGCACCC GGCGCC GAGGCACC	H1 = I^A H2 = i	$I^A i$	Grupo A
05	 { H1: T GGCGCC AAGGCACCC GGCGCC GA GGCGCC H2: TGGCACCAAGGCACCC GGCGCC GA GGCGCC	H1 = I^B H2 = I^A	$I^A I^B$	Grupo AB
06	 { H1: TGGCACCAAGGCACCC GGCGCC GAGGCACC H2: T GGCGCC AAGGCACCC GGCGCC GA GGCGCC	H1 = i H2 = I^B	$I^B i$	Grupo B
07	 { H1: TGGCACCAAGGCACCC GGCGCC GA GGCGCC H2: T GGCGCC AAGGCACCC GGCGCC GA GGCGCC	H1 = I^A H2 = I^B	$I^A I^B$	Grupo AB
08	 { H1: T GGCGCC AAGGCACCC GGCGCC GA GGCGCC H2: T GGCGCC AAGGCACCC GGCGCC GA GGCGCC	H1 = I^B H2 = I^B	$I^B I^B$	Grupo B
09	 { H1: TGGCACCAAGGCACCC GGCGCC GAGGCACC H2: TGGCACCAAGGCACCC GGCGCC GAGGCACC	H1 = i H2 = i	ii	Grupo O
10	 { H1: TGGCACCAAGGCACCC GGCGCC GA GGCGCC H2: TGGCACCAAGGCACCC GGCGCC GA GGCGCC	H1 = I^A H2 = I^A	$I^A I^A$	Grupo A
11	 { H1: T GGCGCC AAGGCACCC GGCGCC GA GGCGCC H2: T GGCGCC AAGGCACCC GGCGCC GA GGCGCC	H1 = I^B H2 = I^B	$I^B I^B$	Grupo B
12	 { H1: TGGCACCAAGGCACCC GGCGCC GAGGCACC H2: TGGCACCAAGGCACCC GGCGCC GAGGCACC	H1 = i H2 = i	ii	Grupo O

Na realização dessa atividade, foi possível confirmar a importância da utilização do modelo didático como complemento da aula teórica. A disposição dos hexanucleotídeos (GGCGCC) nos cromossomos homólogos H1 e H2, permitiu com que os alunos visualizem de maneira mais clara, informações contidas no DNA que determinam características de um organismo, facilitando assim, o desenvolvimento do raciocínio molecular sugerido pelo conteúdo estudado. Isso foi possível de ser observado, pelas respostas obtidas em relação à construção das Tabela 2 e 3.

No momento da dinâmica percebeu-se o interesse dos licenciandos, pois todos prestaram atenção às orientações sobre a montagem do modelo didático. Foi possível observar o envolvimento dos alunos no processo de aprendizagem com uma nítida melhora na capacidade de tomar decisões em grupo e qualificando a interação dos mesmos, ficando evidente nos resultados obtidos, que o uso desse modelo didático favoreceu aos estudantes perceberem a importância da análise de DNA nas situações de incerteza em relação as classes genotípicas, além de participarem de forma efetiva nas aulas, questionando, interagindo e indagando sobre a análise do DNA em diversas situações do cotidiano.

As formas como a situação-problema (Figuras 1, 2 e 3), foram abordadas permitiram que fosse possível identificar estratégias na busca das soluções para a situação proposta. Essas

estratégias nos permitiram identificar, acompanhar e intervir várias vezes no processo de aprendizagem dos alunos, favorecendo a aquisição de conceitos. Assim pretendeu-se levantar a necessidade de determinar a relação da genética com a análise de DNA, buscando solidificar os conhecimentos nestas duas áreas, além de mostrar aos alunos que os conteúdos de genética se complementam com os da biologia molecular.

De acordo com Beiguelman (2003); Snustad & Simmons (2008) no sistema sanguíneo ABO, é possível observar uma relação de interações alélicas entre A e B e uma relação de dominância completa de A e B sobre O. O sistema é codificado por um gene que apresenta três tipos de alelos, sendo eles: I^A , I^B e i . Dessa forma, seis tipos de genótipos diferentes são observados: $I^A I^A$, $I^A i$, $I^B I^B$, $I^B i$, $I^A I^B$ e ii e quatro tipos de fenótipos A, B, AB e O.

Segundo relatos de Chistiakov (2005) as sequências repetidas de DNA, por serem curtas são hipervariáveis e seguem o padrão mendeliano de segregação de codominância. E de acordo com Griffiths et al. (2016), a base para o polimorfismo entre os alelos são as diferentes mutações que podem ocorrer na sequência de DNA. Os Polimorfismos de Comprimento de Fragmentos de Restrição (RFLP) representam a ausência ou presença de sítios de reconhecimento de enzimas de restrição em diferentes indivíduos. Para Moreno (2007) o início da tecnologia do DNA se deu a partir da descoberta e caracterização de enzimas relacionadas com seu metabolismo, tais como a DNA polimerase, em 1950 e enzimas de restrição, em 1968.

Segundo os autores Nicholl (2002); Batissoco & Novaretti (2003); Griffiths et al. (2006); Amabis & Martho (2007); Dolinsky & Pereira (2007); Lopez (2008); Lopez & Rosso (2016) as sequências de repetições além de codificar os genes, garante a manutenção da variedade de alelos na população. Tecnicamente, tais regiões repetidas são conhecidas como microssatélites ou repetições curtas em tandem (STRs, de *Short Tandem Repeat*), pelo fato das sequências que se repetem serem pequenas em comprimento, sendo normalmente compostas por duas e até nove pares de bases. Essas características observadas (Tabela 4), foram fundamentais e ajudaram a identificar as classes genótípicas de cada amostra sanguínea ABO, sendo possível identificar com certeza os genótipos (I^A e I^B) em relação as amostras 01, 03, 04 e 10, correspondentes, ao grupo A, e 02, 06, 08 e 11, correspondentes, ao grupo B, analisadas na Tabela 2.

Segundo Castro (2008) com o desenvolvimento das tecnologias, houve uma grande mudança nas técnicas de caracterização. O DNA genômico encontrado em materiais biológicos permite identificar a constituição genética de cada indivíduo a partir da análise de regiões que apresentam variações entre os indivíduos na população, ou seja, a parte do genoma que possui caráter polimórfico. Desse modo, quando foi comparado as amostras 01, 03, 04 e 10 de fenótipo tipo A (Tabelas 2 e 3), foi verificado, respectivamente, os seguintes genótipos: $I^A i$, $I^A I^A$, $I^A i$ e $I^A I^A$. Em relação as amostras 02, 06, 08 e 11, correspondentes, ao fenótipo tipo B, foi verificado, respectivamente, os seguintes genótipos: $I^B i$, $I^B i$, $I^B I^B$, $I^B I^B$ (Tabela 2 e 3). E de acordo com Otto; Otto; Frota-Pessoa (2004) quando dois alelos são idênticos, o indivíduo é homocigoto e quando são diferentes, ele é heterocigoto para esse locus.

Para Jobim et al. (2012), denomina-se alelo cada diferença encontrada em um determinado gene que, por sua vez, vai determinar uma característica diferente na pessoa. Assim, em cada um dos cromossomos homólogos H1 e H2 das amostras, foi possível observar diferenças na característica do gene expressado, sendo que os genes alelos I^A e I^B foram codominantes ao terceiro alelo, i , que é recessivo, ou seja, o gene I^A foi responsável pela produção de antígeno A, o gene I^B foi determinante da produção de antígeno B, e o gene i condicionou a ausência dos antígenos A e B.

A maneira de como estão dispostas as bases nitrogenadas na sequência do DNA é o que diferencia o genoma de cada pessoa, pois a estrutura química é igual para todos. Na Tabela 3,

é observado que o gene I^A , se expressa em presença de $I^A i$, manifestando o seu fenótipo. O gene I^B , se expressa em presença de $I^B i$ manifestando o seu fenótipo. Verificou-se então que o caráter produção de antígenos é controlado por um gene, com 3 alelos e com a seguinte ordem de dominância $I^A = I^B > i$.

De acordo com Barradas et al. (2002), um modelo didático corresponde a qualquer sistema figurativo que reproduz a realidade de forma esquematizada e concreta, tornando-a mais compreensível ao aluno. Representa a construção, uma estrutura que pode ser utilizada como referência, uma imagem que permite materializar a idéia ou conceito tornando-o dessa forma assimilável. As confecções das Tabelas 1, 2 e 3, permitiram aos alunos da disciplina de genética do Curso de Licenciatura em Ciências Biológicas da UFR/MT, investigarem soluções para duas situações-problema, nas quais participaram ativamente do processo, sendo a primeira sobre o estudo das reações imunológicas antígeno-anticorpo, e na segunda a aplicação da tecnologia do DNA para determinação dos genes alelos e das classes genotípicas dos fenótipos propostos.

Na elaboração desse modelo didático houve o cuidado de manter as características de uma metodologia investigativa. Além da utilização de materiais e métodos que proporcionassem sua realização em qualquer escola, que disponha ou não de recursos financeiros e de uma estrutura de laboratório de biologia, podendo o mesmo ser realizada na sala de aula.

Desse modo, o tema grupo sanguíneo do sistema ABO associando a genética e a biologia molecular, despertou grande interesse entre os licenciandos por se tratar de um assunto relevante e que faz parte do seu cotidiano, fazendo sentido estudá-lo, o que aliado à realização da atividade prática investigativa sobre tipagem sanguínea, tornou o aprendizado sobre o tema ainda mais significativo.

Segundo os autores Pavan et al. (1998); Campos et al. (2008); Dias (2008); Valadares & Resende (2009); Agamme (2010); Corrêa & Silva Junior (2010); Temp (2011); Mendonça & Santos (2011); Duso (2012); Hermann & Araújo (2013); Klauberg, (2015); Lima & Camarotti (2015); Medeiros et al. (2021; 2022); Medeiros, Alves & Kimura (2022) ao ministrar aulas com utilização de modelos didáticos, pode-se aliar a teoria à prática, garantindo assim a oportunidade para que os alunos participem ativamente nas aulas, interagindo em grupos e, sobretudo, fazendo-os entender os processos que envolvam conceitos abstratos, além de perceber a relação que existe entre os conhecimentos científicos e o cotidiano. Para Giordan & Vecchi (1996) os modelos são elementos facilitadores que os educadores podem utilizar para ajudar a vencer os obstáculos que se apresentam no difícil caminho da conceitualização. E de acordo com Mendonça & Santos (2011) os modelos didáticos além dar a competência necessária aos alunos de criar e recriar, permite ainda associar o conhecimento científico, que é transmitido, para algo mais investigativo e que desenvolva habilidades de compreensão, associação com o tema, trabalho em grupo, organização, concentração, o qual facilita a criação dos modelos. E como foi relatado por Cavalcante & Silva (2008), os modelos didáticos possibilitam a experimentação, e podem direcionar os estudantes na associação da teoria e da prática, indicando novas possibilidades e conceitos aplicados através das habilidades promovendo o engajamento no desenvolvimento dos conteúdos. Assim sendo pode-se perceber a relevância desse tipo de metodologia como intervenção educacional, que segundo Libâneo (1994), se caracteriza por investigar as condições e formas que vigoram no ensino e, ao mesmo tempo, os fatores reais condicionantes das relações entre a docência e a aprendizagem.

A partir da investigação didática da genética, para a educação secundária e superior, alternativas metodológicas que podem auxiliar na aprendizagem significativa deste tema vêm sendo propostas por vários autores (RODRÍGUEZ, 1995; AYUSO; GRIFFITHS; MAYER-

SMITH, 2000; AYUSO & BANET, 2002; GOLDBACH; MACEDO, 2008); ORLANDO et al. (2009); MEDEIROS et al. (2021; 2022); MEDEIROS, ALVES & KIMURA (2022). É ressaltado pela Base Nacional Comum Curricular (BNCC) que a contextualização do conteúdo com situações cotidianas supera o simples ato de exemplificação, assim como é destacado em uma de suas competências a necessidade de os alunos investiguem situações-problemas, avaliando aplicações dos seus conhecimentos científicos das Ciências da Natureza para solucioná-los (BRASIL, 2017).

Segundo Fonseca & Tartarotti (2017) o estudo dos grupos sanguíneos é influenciado pelo senso comum e por “concepções relacionadas à sociedade tais como, os exames rotineiros de sangue que estão presentes em temáticas curriculares nas escolas do ensino básico brasileiras”. Assim, observamos que foi muito relevante o roteiro de modelo didático proposto, inserido numa situação cotidiana para os alunos buscarem respostas e construam o conhecimento por intermédio do professor.

Portanto, aplicações de atividades de genética com o uso de modelos didáticos, pode se constituir em instrumentos auxiliares para a prática pedagógica. E de acordo com os autores Souza (2008); Medeiros et al. (2021; 2022); Medeiros, Alves & Kimura (2022) o uso de instrumentos com baixo custo para a construção dos modelos, pode possibilitar o desenvolvimento de aulas mais atraentes e motivadoras, nas quais os alunos poderão ser envolvidos na construção de seu conhecimento, pois permitem uma melhor visualização e aproximação dos conceitos utilizados.

CONCLUSÕES

Diante das observações feitas durante a aplicação da atividade investigativa ilustrando o caso prático de alelismo múltiplo que ocorre com a herança do sistema ABO em humanos atrelado a análise do DNA, concluiu-se que o modelo didático descrito, pode ser estrategicamente aplicado como um eixo integrador de temas que envolvem a genética e a biologia molecular, facilitando a compreensão de como o uso da enzima de restrição Nar I pode facilitar a identificação das características genotípicas dos grupos sanguíneos do sistema ABO. Sendo observado que esse tipo de metodologia, ilustrando as reação antígeno-anticorpo de um grupo de pessoas, através da análise de amostras de DNA, fez com que os estudantes se interessassem pelo conteúdo, pois, além de ser ensinado teoricamente, também houve a possibilidade de ser praticado e analisado.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGAMME, A. L. D. A. O lúdico no ensino de genética: a utilização de um jogo para entender a meiose. Monografia (Graduação) Universidade Presbiteriana Mackenzie, São Paulo, 2010.
- AMABIS, José M.; MARTHO Gilberto R. Biologia das populações - SÃO PAULO: SP – Editora Moderna, vol.3 – 2 ed. PNLEM 2007.
- AYUSO, G. E.; BANET, E. Alternativas a La enseñanza de La Genética em educación secundaria. Enseñanza de las Ciencias. n. 20, v. 1, p. 133-157, (2002).
- BARRADAS, C. M.; RIPPEL, J. L.; JUSTINA, L. A. D. O uso de modelos didáticos como facilitador do ensino de Genética. In XII Semana de Biologia, Cascavel, 2002.
- BATISSOCO, A. C.; NOVARETTI, M. C. Z. Aspectos Moleculares do Sistema Sanguíneo ABO. Revista Brasileira de Hematologia e Hemoterapia, v.25, n.1, p.47-58, 2003.
- BEIGUELMAN, B. Os Sistemas Sanguíneos Eritrocitários. Ribeirão Preto, SP: FUNPEC Editora, 3a Edição, 2003.
- BRASIL. Ministério da Educação – Secretária de Educação Média e Tecnológica. Orientações Educacionais Complementares aos Parâmetros Curriculares Nacionais: Ensino Médio. Vol. 2: Ciências da Natureza, Matemáticas e suas Tecnologias. Brasília: MEC, 135 p. (2008).
- BRASIL. Ministério da Educação. Instituto Nacional de Pesquisas Educacionais Anísio Teixeira. Matriz de Referência para o ENEM 2009. Brasília: MEC. 26 p. (2009).
- BRASIL. Ministério da Educação. *Base Nacional Comum Curricular*. MEC. (2017).
- CAMPOS, I. M. I.; BORTOLOTO, T. M.; FELICIO, A. K. C. A produção de jogos didáticos para o ensino de ciências e biologia: uma proposta para favorecer a aprendizagem. UNESP – SP, 2008.
- CARVALHO, W. Biologia em foco. SÃO PAULO: SP, FTD - 2002.
- CORRÊA, D. M. V. B.; SILVA JUNIOR, E. F. Ciência vai à escola: o Lúdico na Educação em Ciências. Universidade Federal do Paraná – Museu de Ciências Naturais, 2010.
- CASTRO, T. S. Identificação de impressões digitais baseada na extração de minúcias. XIX, 99f. Mestrado em Engenharia Elétrica. Dissertação - Universidade Federal de Juiz de Fora ((UFJF). Juiz de Fora, 2008.
- CAVALCANTE, D. D. & SILVA, A. de F. A. Modelos didáticos e professores: concepções de ensino-aprendizagem e experimentações. In: XIV Encontro Nacional de Ensino de Química, Curitiba, UFPR, Julho de 2008.

CHISTIYAKOV, D. A., B. HELLEMANS and F. A. M. VOLCKAERT. Microsatellites and their genomic distribution, evolution, function and applications: a review with special reference to fish genetics. *Aquaculture* 255: 1–29. 2005.

DIAS, M. A. S. Dificuldades na aprendizagem dos conteúdos de biologia: Evidências a partir das provas de múltipla escolha do vestibular da UFRN (2001- 2008). 275p Tese (Tese de Doutorado em Educação) Universidade Federal do Rio Grande do Norte, Rio Grande do Norte, 2008.

DOLINSKY, Luciana Cresta, PEREIRA, Lissiane M. C. Veras. DNA Forense: artigo de Revisão. *Saúde & Ambiente em Revista, Duque de Caxias*, v. 2, n.2, p.11-22, jul/dez. 2007.

DUSO, L. O uso de modelos no ensino de biologia. In: ENCONTRO NACIONAL DE DIDÁTICA E PRÁTICAS DE ENSINO, 16, 2012, Campinas. *Anais...* São Paulo: ENDIPE, 2012. p. 1-10.

FERGUSON-SMITH, M. A., et al. Localisation of the human ABO. Np- 1: AK- I linkage group by regional assignment of AK- I to 9q34. **Hum Genet**, v. 34, n. 1, p. 35-43, 1976.

FONSECA, A. L. C., & TARTAROTTI, E. Análise Praxeológica de Atividades sobre Polialelia e Grupos Sanguíneos no Livro Didático de Biologia. *Anais do XI Encontro Nacional de Pesquisa em Educação em Ciências – XI ENPEC*, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil. (2017).

GIORDAN, A.; DE VECCHI, G. As origens do saber: das concepções dos aprendentes aos conceitos científicos. Trad. Bruno Charles Magne. 2. ed. Porto Alegre: Artes Médicas, 1996.

GOLDBACH, T.; MACEDO, A. G. Produção científica e saberes escolares na área de ensino de genética: olhares e tendências. In: VII ESOCITE, Jornada latino-americana de Estudos Sociais das Ciências e das Tecnologias. Rio de Janeiro, 2008.

GRIFFITH, A. J. F.; MAYER-SMITHIES, J. Understanding genetics: strategies for teachers and learners in universities and high schools. New York: WH freeman and Company, 2000.

GRIFFITHS, A. J.F; WESSLER, S. R; LEWONTIN, R. C.; CARROLL, S. B. Introdução à Genética. 11^a ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2016.

GUYTON, A. C. Fisiologia Humana. Rio de Janeiro: RJ, Editora Guanabara Koogan, 6 th ed.- 1988.

HERMANN, F. B.; ARAÚJO, M. C. P de. Os jogos didáticos no ensino de genética como estratégias partilhadas nos artigos da revista genética na escola. In: ENCONTRO REGIONAL SUL DE ENSINO DE BIOLOGIA, 6., 2013, Santo Ângelo. **Anais...** Rio Grande do Sul: EREBIOSUL, 2013.

JOBIM, L. F.; COSTA, L. R.; SILVA, M. Identificação Humana. 2 ed. Campinas: Millennium Editora Ltda. 2012.

KLAUBERG, S. D. W. O Lúdico no Ensino da biologia uso de um modelo didático para ensino da divisão celular mitótica. 2015. 21 f. Monografia (Especialização em Genética para Professores do Ensino Médio) - Universidade Federal do Paraná, Nova Londrina, 2015.

KORF, B. R. Genética Humana e Genômica 3. Ed. GUANABARA KOOGAN, 2008.

LIBÂNEO, J. C. Didática. São Paulo. Ed Cortez, 1994.

LIMA, J. P. de; CAMAROTTI, M. F. Ensino de ciências e biologia: o uso de modelos didáticos em porcelana fria para o ensino, sensibilização e prevenção das parasitoses intestinais. In: CONGRESSO NACIONAL DE EDUCAÇÃO, 2., Campina Grande, 2015. **Anais...** Paraíba: CONEDU, 2015.

LOPES, S. Biologia: volume único. São Paulo: Saraiva, 2008.

LOPES, S.; ROSSO, S. Biologia – volume 3. 3 ed. São Paulo: Saraiva, 2016.

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T.; SOUZA, E. A. Proposta de modelo didático como facilitador do ensino de genética de populações no Curso de Licenciatura em Ciências Biológicas da UFR/MT. Biodiversidade - v.20, n.2, 2021 - pág. 215 – 235.

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T.; SOUZA, E. A. Utilização prática de um modelo didático simulando uma técnica de bandas do DNA para estudo comparativo do vínculo genético humano aplicado aos estudantes de Licenciatura em Ciências Biológicas da UFR/MT. Revista Biodiversidade - v.20, n.3, 2021 - pág. 49 - 71.

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T.; SOUZA, E. A. O uso de modelo representativo aplicado no curso de Licenciatura em Ciências Biológicas da UFR/MT de como a seleção natural age sobre as variações genéticas do inseto após o uso de inseticida. Revista Biodiversidade - v.21, n.1, 2022 - pág. 182 – 207.

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T. O uso de representações didáticas como suporte a aprendizagem de probabilidades aplicadas ao estudo da genética no curso de Licenciatura em Ciências Biológicas da UFR/MT. Revista Biodiversidade - v.21, n.2, 2022 - pág. 83 – 109.

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T. Modelo didático aplicado no curso de Licenciatura em Ciências Biológicas da UFR/MT para a compreensão da interação entre a análise combinatória e o estudo genético de uma ninhada de *Athene cunicularia* (coruja-buraqueira). Revista Biodiversidade - v.21, n.3, 2022 - pág. 2 – 25.

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T. Modelo didático aplicado no curso de Licenciatura em Ciências Biológicas da UFR/MT para o estudo de genética de populações ligado ao caso de alelismo múltiplo que envolve a cor da pelagem em coelhos - *Oryctolagus cuniculus*. Revista Biodiversidade - v.21, n.4, 2022 - pág. 2 – 23.

MENDONÇA, C. O.; SANTOS, M. W. O. dos. Modelos didáticos para o ensino de ciências e biologia: aparelho reprodutor feminino da fecundação a nidação. In: V COLÓQUIO

INTERNACIONAL “EDUCAÇÃO E CONTEMPORANEIDADE”, 5. São Cristóvão, 2011. Anais... Sergipe, 2011.

MORENO, A. B. Genética no Ensino Médio: dos parâmetros curriculares nacionais à sala de aula. Monografia de Especialização. Universidade do Estado do Rio de Janeiro: Rio de Janeiro, 2007.

NAKAMURA, Y.; YAMAMOTO, N.; SAKAI, K.; OKUBO, A.; YAMAZAKI, S.; TAKANO, T. Purification and characterization of angiotensin I-converting enzyme inhibitors from sour milk. *J. Dairy Sci*, v. 78, n. 4, p. 777-783, 1995.

NICHOLL, Desmond S.T. *An Introduction to Genetic Engineering*. 2nd Ed. Cambridge University Press, 2002. ISBN 0521004713.

ORLANDO, T. C.; LIMA, R. A.; SILVA, A. M.; FUZISSAKI, C. N.; RAMOS, C. L.; MACHADO, D.; FERNANDES, F. F.; LORENZI, J. C. C.; LIMA, M. A.; GARDIM, S.; BARBOSA, V. C.; TRÉZ, T. A. Planejamento, montagem e aplicação de modelos didáticos para abordagem de Biologia celular e molecular no ensino médio por graduandos de ciências biológicas. *Rev. Brasileira de Ensino de Bioquímica e Biologia Molecular*, 1, 1-17. (2009).

OTTO, P. G.; OTTO, P. A.; FROTA-PESSOA, O. Genética Humana e Clínica. 2. ed. São Paulo: ROCA, 2004.

PAVAN, O. H. O.; SUMAIO, D. S.; CÂNDIDO, F. F. B. S.; OLIVEIRA, R. M. Evoluindo Genética: Um jogo educativo. Ed. UNICAMP. Campinas, São Paulo, 1998.

PAULINO, W. R. Biologia Ensino Médio, V.3 - São Paulo: Ática, 2009.

RAHORST, L, WESTHOFF, C M. ABO and H Blood Group System. *Transfusion Medicine and Hemostasis: Clinical and Laboratory Aspects*, Third. 3 ed. p.139-147, 2019.

RODRÍGUEZ, A. B. La didáctica de la genética: revisión bibliográfica. Barcelona: Revista Enseñanza de las Ciencias, 1995. v. 13, p. 379-385.

SNUSTAD, D. P.; GARDNER, E. J. Genética. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2013.

SOUZA, S. E. O uso de recursos didáticos no ensino escolar. In: I Encontro de pesquisa em Educação, IV jornada prática de Ensino, XIII semana de pedagogia da UEM. Maringá. (2008).

TEMP, D. S. Facilitando a Aprendizagem de Genética: Uso de um Modelo Didático e Análise dos Recursos Presentes em Livros de Biologia. Dissertação (Mestrado em Educação em Ciências) Universidade Federal de Santa Maria, Rio Grande do Sul, 85p. 2011.

VALADARES, L.B.L.; RESENDE, R.O. “Na trilha do Sangue”: o jogo dos grupos sanguíneos genética na escola, v. 1, n.4, p. 10-16, 2009.