

UTILIZAÇÃO PRÁTICA DE UM MODELO DIDÁTICO SIMULANDO APLICAÇÕES DO SEQUENCIAMENTO DE DNA E SUA IMPORTÂNCIA NO RECONHECIMENTO DAS RELAÇÕES DE PARENTESCO ENTRE BEBÊS RECÉM-NASCIDOS E PARTURIENTES

Mauro Osvaldo Medeiros¹

Sueli Maria Alves¹

Marcelo Teiji Kimura²

RESUMO: O avanço dos estudos genéticos ao longo do tempo resultou em diversas descobertas que impactaram e impactam significativamente a humanidade. Dentre essas descobertas de alta importância social podemos citar o entendimento da transmissão de doenças de mãe ou pai para filho e o teste de paternidade/maternidade. Assim, este trabalho teve como objetivo criar subsídios para a fixação de conceitos teóricos de Genética e Biologia Molecular, destacando as aplicações do sequenciamento de DNA e sua importância na identificação das relações de parentesco humanas. Para tal, foi aplicada uma atividade que consistiu numa simulação prática de uma análise genética para identificação molecular relacionada a seis bebês nascidos em um mesmo dia e que não foram *identificados corretamente por ocasião do parto*. Portanto, não se sabendo quem são as suas mães biológicas. Foi constatado que o recurso didático contribuiu de forma significativa no processo de ensino e aprendizagem, principalmente na construção do conhecimento sobre os conceitos que envolvem a sequenciação de bases nitrogenadas do DNA, como também suas aplicações na transmissão de informações genéticas, além de reforçar o conteúdo da origem da variabilidade genética entre os indivíduos. Assim, o uso do modelo proposto se mostrou uma metodologia eficiente para subsidiar professores em sua prática pedagógica dentro do conteúdo de genética.

Palavras-chave: Genética, Biologia molecular, Duplicação do DNA, Material didático, Maternidade.

PRACTICAL USE OF A TEACHING MODEL SIMULATING APPLICATIONS OF DNA SEQUENCING AND ITS IMPORTANCE IN RECOGNIZING KINSHIP RELATIONSHIPS BETWEEN NEWBORN BABIES AND PARTURIENTS

ABSTRACT: The advancement of genetic studies over time has resulted in several discoveries that have significantly impacted humanity. Among these discoveries of high social importance, we can mention the understanding of the transmission of diseases from mother or father to child and the paternity/maternity test. Thus, this work aimed to create subsidies for the establishment of theoretical concepts of Genetics and Molecular Biology, highlighting the applications of DNA sequencing and its importance in identifying human kinship relationships. To this end, an activity was applied that consisted of a practical simulation of a genetic analysis for molecular identification related to six babies born on the same day and who were not correctly identified at the time of birth. Therefore, it is not known who their biological mothers are. It was found that the teaching resource contributed significantly to the teaching and learning process, mainly in the construction of knowledge about the concepts that involve the sequencing of nitrogenous bases in DNA, as well as its applications in the transmission of genetic information, in addition to reinforcing the content the origin of genetic variability between individuals. Thus, the use of the proposed model proved to be an efficient methodology to support teachers in their pedagogical practice within the genetics content.

Keywords: Genetics, Molecular biology, DNA duplication, Teaching material, Maternity.

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

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

INTRODUÇÃO

O avanço dos estudos genéticos ao longo do tempo resultou em diversas descobertas que impactaram e impactam significativamente a humanidade. Dentre essas descobertas de alta importância social podemos citar o entendimento da transmissão de doenças de mãe ou pai para filho e o teste de paternidade/maternidade. Esses temas costumam despertar a atenção e curiosidade dos alunos pelo fato de, frequentemente, estarem associados aos assuntos veiculados pela mídia.

No entanto, sabe-se que o conhecimento de genética da maioria das pessoas é muito rudimentar, mesmo considerando estudantes de diferentes graus de escolaridade, inclusive universitária (AYUSO & BANET 2002; SNUSTAD & SIMMONS (2008); GRIFFITHS et al., 2016; MEDEIROS et al., 2021 e 2022; MEDEIROS, ALVES, KIMURA, 2022 e 2023). No entanto, segundo os autores Corazza-Nunes et al. (2006) seus conceitos na ausência de transposição didática e, de estratégias de ensino adequadas, se tornam de difícil aprendizagem, devido aos termos complexos e, do distanciamento com o cotidiano dos alunos.

Os autores Orlando et. al. (2009) citaram que a disciplina de Biologia apresenta um caráter microscópico, e por esse fato necessita de laboratórios, com aparelhos que possibilitem estudar tais aspectos. Entretanto a existência desse tipo de laboratório não é frequente nas instituições de ensino, logo uma forma de trabalhar esse aspecto é a utilização de materiais didáticos, como modelos e maquetes didáticas, pois esse tipo de material consegue aproximar o aspecto microscópico dos alunos. Para Cavalcante & Silva (2008); Medeiros, Alves, Kimura (2023) os modelos didáticos permitem a experimentação, dando oportunidade aos estudantes de correlacionarem a teoria com a prática. Propiciando a compreensão dos conceitos, o desenvolvimento de habilidades e competências.

Segundo Nicola & Paniz (2016), esse tipo de material didático é importante, pois possibilita que os alunos possam visualizar, melhor os conceitos abstratos presentes na disciplina de Biologia. E de acordo com Justi (2006) um modelo, reproduz as características visuais, ou a estrutura do objeto que está sendo modelado, de forma a criar uma cópia desse objeto. Ou seja, os modelos didáticos biológicos, reproduzem as características dos conceitos abstratos, trazendo assim esses conceitos mais próximos dos alunos.

Nessa perspectiva, o exame de DNA, também chamado de teste de DNA ou, ainda, de mapeamento genético, é um procedimento laboratorial que compara amostras de material genético de indivíduos diferentes. A partir dessa análise, é possível determinar graus de semelhança entre as amostras coletadas e, dessa forma, pode ser utilizado para comprovar o parentesco, entre dois indivíduos.

Assim, o teste de DNA é uma ferramenta utilizada em casos de relatos de mães que foram envolvidas em uma troca de bebês ou ante a simples suspeita de sua ocorrência. A troca de bebês, infelizmente não é algo incomum e acontece nos momentos após o nascimento por erros devido a procedimentos falhos como o de não identificar corretamente o neonato e a parturiente, por ocasião do parto.

A grande semelhança física existente entre os recém-nascidos, é um dos fatores que contribuem para a ocorrência da troca e que ocasiona na entrega de bebês diferentes para as mães. Nos hospitais públicos, influenciado pelo grande número de partos que ali são realizados, existe um maior risco de acontecer trocas de bebês.

No Brasil, não existem números oficiais de quantas crianças são trocadas, supõe-se que ocorra uma troca a cada 6 mil partos, de modo que levando-se em conta que ocorrem 5 milhões de nascimentos por ano em território nacional, estima-se que aproximadamente 800 crianças são trocadas todos os anos em hospitais brasileiros. No entanto, independentemente do número

exato de trocas que ocorrem anualmente, é fato que elas acontecem em uma proporção muito maior que o aceitável e, desse modo, tornou-se um dos maiores medos das mães.

Deste modo, este estudo propõe uma sequência didática que facilite a compreensão dos alunos da relação entre biologia molecular e genética que seja mais dinâmica e atraente para a fixação do conteúdo pelos estudantes.

O trabalho visou capacitar o estudante sobre o estudo dessas duas áreas com a exploração da relação entre genética e sequenciamento de DNA, promovendo um estudo interdisciplinar. Utilizando esse tema para adquirir conhecimentos que proporcionem ao discente o estímulo necessário à pesquisa e à busca por conhecimentos. Buscou-se também alcançar um melhor rendimento dos alunos durante as aulas, planejar, discutir e desenvolver atividades práticas e lúdicas, adequar o material didático a ser exposto para alunos, de acordo com o seu conhecimento prévio.

Assim, 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, com esta atividade, os alunos poderão consolidar conhecimentos teóricos de hereditariedade, com o uso de 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.

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. Portanto, 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 divulgados 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 (MEDEIROS, ALVES, KIMURA, 2023).

Para Silva & Saraiva (2020), é importante a realização de atividades de ensino que utilizem metodologias didáticas que tornam o aluno protagonista do processo de aprendizagem. Nessa perspectiva, Lima et al. (2020) destacam que uma sequência de ensino investigativa, envolvendo modelos didáticos, possibilita maior participação dos estudantes, podendo melhorar as relações aluno-aluno e aluno-professor. Assim, os modelos didáticos são instrumentos sugestivos e representativos que podem ser eficazes na prática docente para o ensino de conteúdos abstratos, de forma a facilitar a aprendizagem, principalmente dos assuntos de genética, que são de difícil assimilação pelos discentes (LARENTIS, AMANCIO, GHISI, 2020).

Dessa forma, a sequência didática, aqui aplicada e descrita, objetivou proporcionar uma aprendizagem significativa que permitisse aos estudantes atuarem ativamente no processo ensino-aprendizagem através da compreensão da composição e da estrutura do Ácido Desoxirribonucleico (DNA), bem como do seu dogma central, relacionando seus aspectos moleculares à função que o código genético desempenha nos seres humanos. Assim, este trabalho teve como objetivo criar subsídios para a fixação de conceitos teóricos de Genética e Biologia Molecular, destacando as aplicações do sequenciamento de DNA e sua importância na identificação das relações de parentesco humanas.

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 sequenciamento de DNA e sua importância na identificação das mães biológicas dos bebês recém nascidos.

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 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 tecnologia de sequenciamento de DNA que permite identificar a ordem das bases nitrogenadas no DNA, podendo realizar a comparação entre as sequências de nucleotídeos de vários bebês recém-nascidos com outras sequências de possíveis mães biológicas.

Na segunda aula (50 min) foi aplicado um experimento simulando a técnica molecular de sequenciamento de DNA proposta por Frederick Sanger para verificação de relações genealógicas entre um grupo de bebês recém-nascidos (Figura 1) e de possíveis mães (Figura 2).

Estratégia do modelo didático proposto

De acordo com o objetivo proposto, os modelos didáticos (Figuras 1 e 2), foram elaborados 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 através de pesquisa nas Figuras 1 e 2, que simulavam o resultado do sequenciamento de Sanger em capilares e, portanto, desta forma sendo possível identificar as sequências nucleotídicas que compõem os fragmentos relacionados aos bebês recém nascidos e as mães biológicas.

As informações coletadas foram organizadas em tabelas para se ter um melhor entendimento das diferentes opções de respostas escolhidas pelos alunos.

Apresentação da Situação-problema

A Situação – problema (SP) apresentada teve como temática o Método de Sanger desenvolvida em 1977 pelo bioquímico britânico Frederick Sanger. Neste método, são utilizados os quatro nucleotídeos que formam o DNA, adenina-timina (A-T) e citosina-guanina (C-G) que são carregados através de capilares contendo uma matriz em gel, a chamada eletroforese capilar.

Assim, tendo em vista que cada indivíduo possui 50% do seu material genético herdado da mãe e os outros 50% herdados do pai, é possível, por comparação dos perfis genéticos, obter resultados com índice de maternidade superior a 99,99%.

Para isso, observou-se os resultados do sequenciamento de Sanger em capilar, a chamada eletroforese capilar de seis bebês nascidos em um mesmo dia (Figura 1) e que não foram identificados corretamente por ocasião do parto. Portanto, não se sabendo quem são as suas mães biológicas (Figura 2).

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

Modelo didático Figura 1 e 2.

Cada aluno recebeu o modelo didático Figura 1 e 2, contendo amostras que simulavam a técnica de sequenciamento de DNA proposta por Frederick Sanger e que permite que um fragmento de DNA tenha sido sequenciado e as amostras obtidas separadas por eletroforese, para revelar a série de bases nitrogenadas dessa molécula.

A Figura 1, representa o resultado da eletroforese do fragmento de DNA analisado de seis bebês recém-nascidos (RN 01 a 06). Os diferentes nucleotídeos (Adenina, Citosina, Timina e Guanina) estão indicados na parte superior e as barras pretas identificam as bandas de DNA amplificadas no sequenciamento.

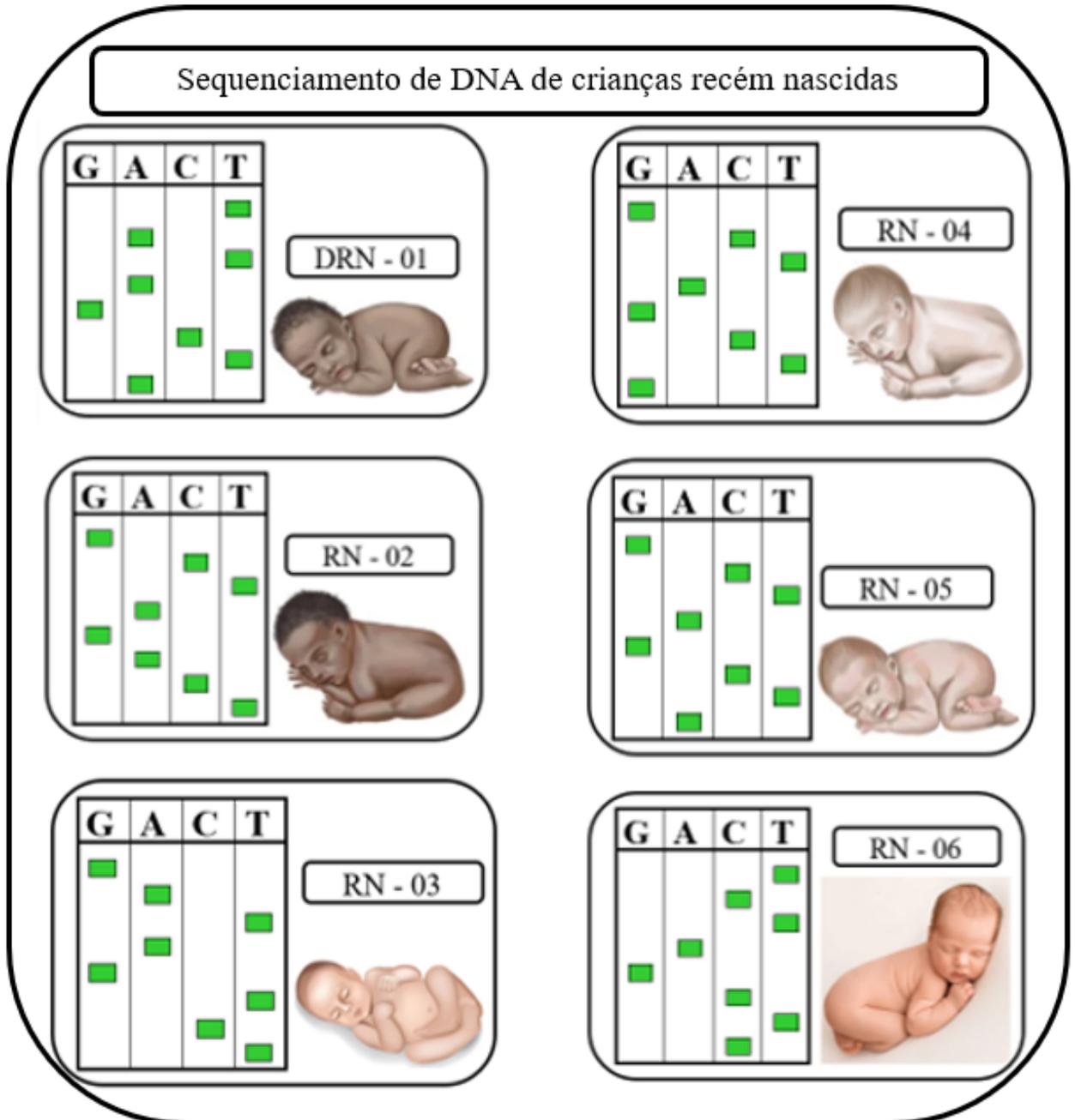


Figura 1. Modelo didático confeccionado com perspectivas de utilização no processo de ensino e aprendizagem de genética, ilustrando hipoteticamente das autorradiografias do gel que permitem identificar os bebês recém-nascidos 01, 02, 03, 04, 05 e 06. (Fonte: Os autores, 2023).

A Figura 2, ilustra e representa o resultado da eletroforese do fragmento de DNA analisado de seis parturientes (MBB, MEE, MKK, MWW, MXX e MZZ). Os diferentes nucleotídeos (Adenina, Citosina, Timina e Guanina) estão indicados na parte superior e as barras pretas identificam as bandas de DNA amplificadas no sequenciamento.

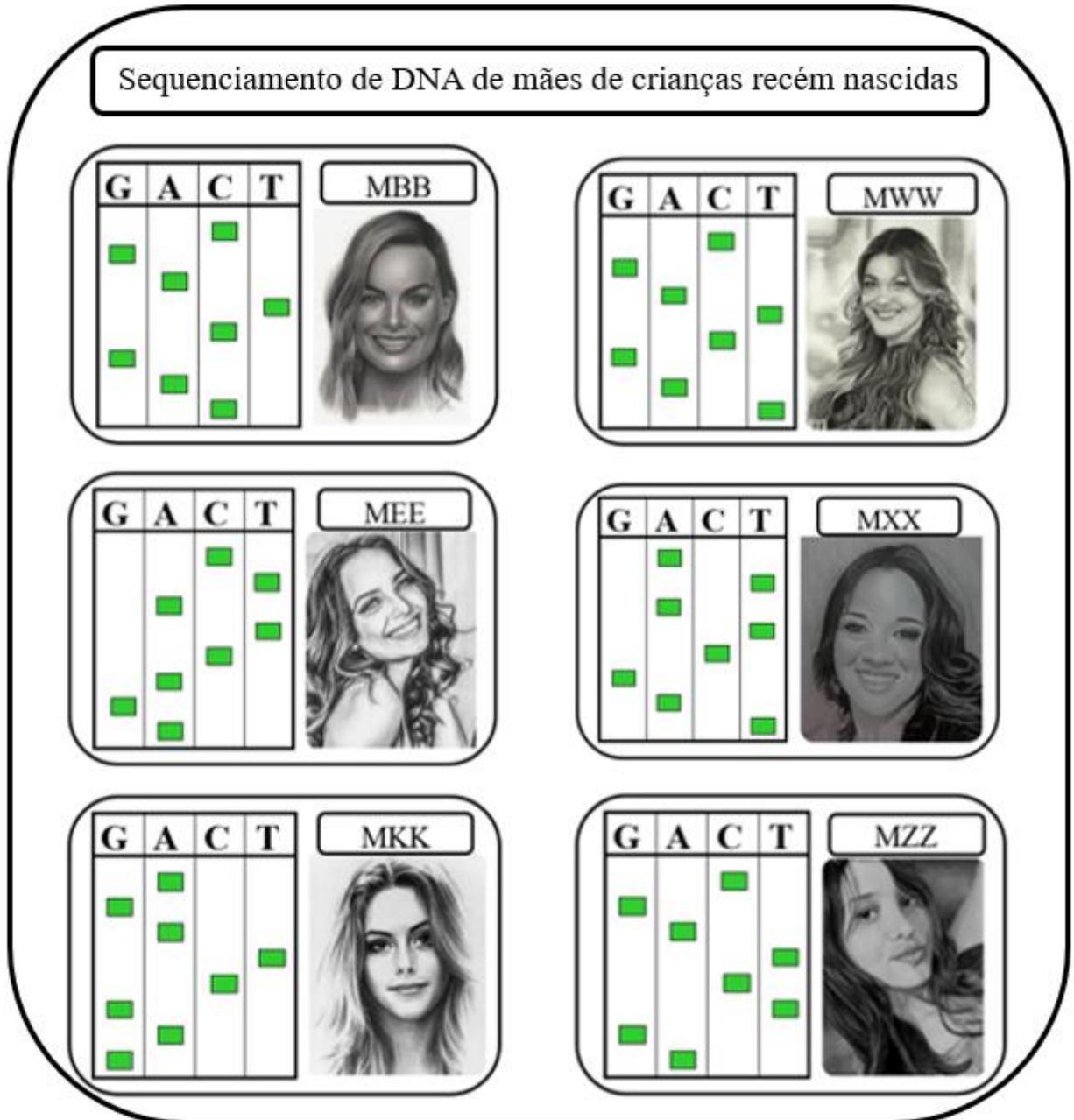


Figura 2. Modelo didático confeccionado com perspectivas de utilização no processo de ensino e aprendizagem de genética, ilustrando hipoteticamente das autorradiografias do gel que permite identificar as parturientes MBB, MEE, MKK, MWW, MXX e MZZ. (Fonte: Os autores, 2023).

RESULTADO E DISCUSSÃO

As características do corpo humano são herdadas e estão contidas nos genes (DNA). Metade dessas características são recebidas da mãe através do óvulo e a outra metade do pai pelo espermatozóide. É o que acontece, por exemplo, com os genes que herdamos dos nossos ascendentes e que determinam características genéticas como a cor dos olhos, dos cabelos, da pele, etc.

O DNA é a molécula responsável por nossas características individuais. Ele pode ser estudado tanto para o diagnóstico de doenças bem como para se identificar o vínculo genético entre indivíduos, o chamado exame do DNA.

Esse exame analisa o DNA, ou seja, o material que carrega toda a informação genética do indivíduo. Neste tipo de análise são comparadas regiões específicas da molécula entre os indivíduos, por meio de modernas técnicas de biologia molecular, determinando-se assim a probabilidade de paternidade que deve ser maior que 99,99%.

Assim, utilização de tecnologias de análise molecular da variabilidade do DNA podem auxiliar na resolução de problemas importantes como o da distinção entre bebês recém nascidos e que não foram identificados corretamente por ocasião do parto (Figura 1). Portanto, não se sabendo quem são as suas mães biológicas (Figura 2).

Desse modo, o método de sequenciamento de DNA mais usado, até os dias de hoje, é o de Sanger. Também chamado de método didesoxi ou método de terminação de cadeia. Nesse procedimento, uma molécula de DNA cuja sequência deve ser determinada e convertida em fitas simples que são utilizadas como molde para sintetizar uma série de fitas complementares. Cada uma dessas fitas termina aleatoriamente em um nucleotídeo específico diferente. A série resultante de fragmentos de DNA é separada por eletroforese e analisada para revelar a sequência do DNA.

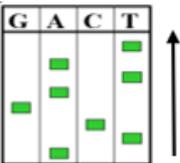
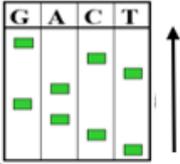
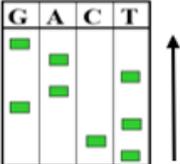
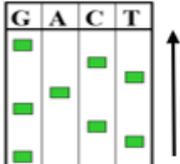
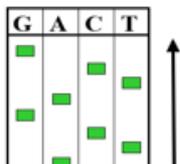
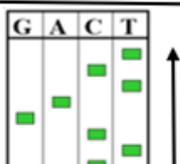
Portanto, o sequenciamento ou sequenciação de DNA é uma série de métodos bioquímicos que têm como finalidade determinar a ordem das bases nitrogenadas adenina (A), guanina (G), citosina (C) e timina (T) da molécula de DNA.

A Tabela 1, apresenta, respectivamente, o sequenciamento ou sequenciação de DNA reconhecidos nos seis bebês recém nascidos (Figura 1) destacado por oito letras cada, que foram separados por eletroforese na autorradiografia do gel. As bases nitrogenadas guanina (G), adenina (A), citosina (C) e timina (T) da molécula de DNA estão codificadas de baixo para cima.

Contar o número de bases nitrogenadas, entretanto, não fornece informações suficientes sobre as condições genéticas dos recém nascidos. Assim, o próximo passo do teste genético foi estabelecer em que ordem os sequenciamentos estão constituídos pelas sequências das letras: A, T, C e G.

A ordem das sequências das bases nitrogenadas dos bebês recém nascidos (RN – 01, RN – 02, RN – 03, RN – 04, RN – 05 e RN – 06), foram convertidas em fitas simples evidenciando a conformação e a composição entre as bases nitrogenadas que especificam um código diferente para cada bebê, respectivamente, ATCGATAT, TCAGATCG, GTCGATCG, TCTGATAG, ATCGATCG e CTCGATCT.

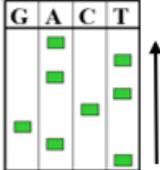
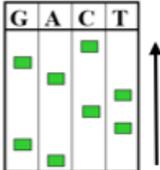
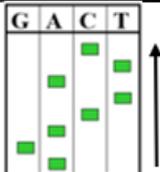
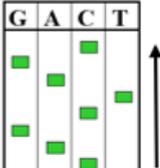
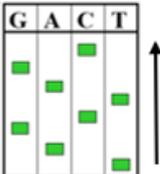
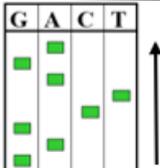
Tabela 1. Sequência hipotética de DNA reconhecido, exemplificando a autorradiografia do gel, permitindo identificar os bebês recém-nascidos 01, 02, 03, 04, 05 e 06.

Recém nascidos	Autorradiografia do gel	Sequenciamento de DNA reconhecido
		
		
		
		
		
		

A Tabela 2, apresenta, respectivamente, o sequenciamento ou sequenciação de DNA dos fragmentos de DNA reconhecidos nas parturientes (MBB, MEE, MKK, MWW, MXX e MZZ) nos bebês recém nascidos (RN 01 a 06) que foram separados por eletroforese na autorradiografia do gel. As diferentes bases nitrogenadas guanina (G), adenina (A), citosina (C) e timina (T) da molécula de DNA identificadas pelas barras pretas identificam as bandas de DNA estão codificadas de baixo para cima.

A ordem das sequências das bases nitrogenadas das parturientes (MBB, MEE, MKK, MWW, MXX e MZZ), foram convertidas em fitas simples evidenciando a conformação e a composição entre as bases nitrogenadas que especificam um código diferente para cada parturiente, respectivamente, TAGCTATA, AGTCTAGC, CAGCTAGC, AGACTAGC e GAGCTAGA.

Tabela 2. Sequência hipotética de DNA reconhecido, exemplificando a autorradiografia do gel, permitindo identificar as parturientes MBB, MEE, MKK, MWW, MXX e MZZ.

Mãe de recém nascido	Autorradiografia do gel	Sequenciamento de DNA reconhecido
<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; display: inline-block;">MXX</div> 		<div style="border: 1px solid black; padding: 5px; display: inline-block;">TAGCTATA</div>
<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; display: inline-block;">MZZ</div> 		<div style="border: 1px solid black; padding: 5px; display: inline-block;">AGTCTAGC</div>
<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; display: inline-block;">MBB</div> 		<div style="border: 1px solid black; padding: 5px; display: inline-block;">CAGCTAGC</div>
<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; display: inline-block;">MEE</div> 		<div style="border: 1px solid black; padding: 5px; display: inline-block;">AGACTATC</div>
<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; display: inline-block;">MWW</div> 		<div style="border: 1px solid black; padding: 5px; display: inline-block;">TAGCTAGC</div>
<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; display: inline-block;">MKK</div> 		<div style="border: 1px solid black; padding: 5px; display: inline-block;">GAGCTAGA</div>

As representações gráficas das Figuras 3 a 8, foram criadas para permitirem as observações das relações de parentesco entre as parturientes (MBB, MEE, MKK, MWW, MXX e MZZ) e os bebês recém-nascidos (RN – 01, RN – 02, RN – 03, RN – 04, RN – 05 e RN – 06). O casamento, no sentido biológico de procriação, é representado por um traço horizontal unindo o casal, e o recém-nascido desse casamento é indicado por traço vertical unido ao traço horizontal do casal.

Os símbolos que representam as bases nitrogenadas na formação de pares: adenina forma par com timina e citosina forma seu par com guanina (“A com T e C com G”) nas parturientes MBB, MEE, MKK, MWW, MXX e MZZ (Figuras 3 a 8) indica a duplicação do DNA, e os desenhos transmitem a idéia da formação de células-filhas a partir de uma célula original.

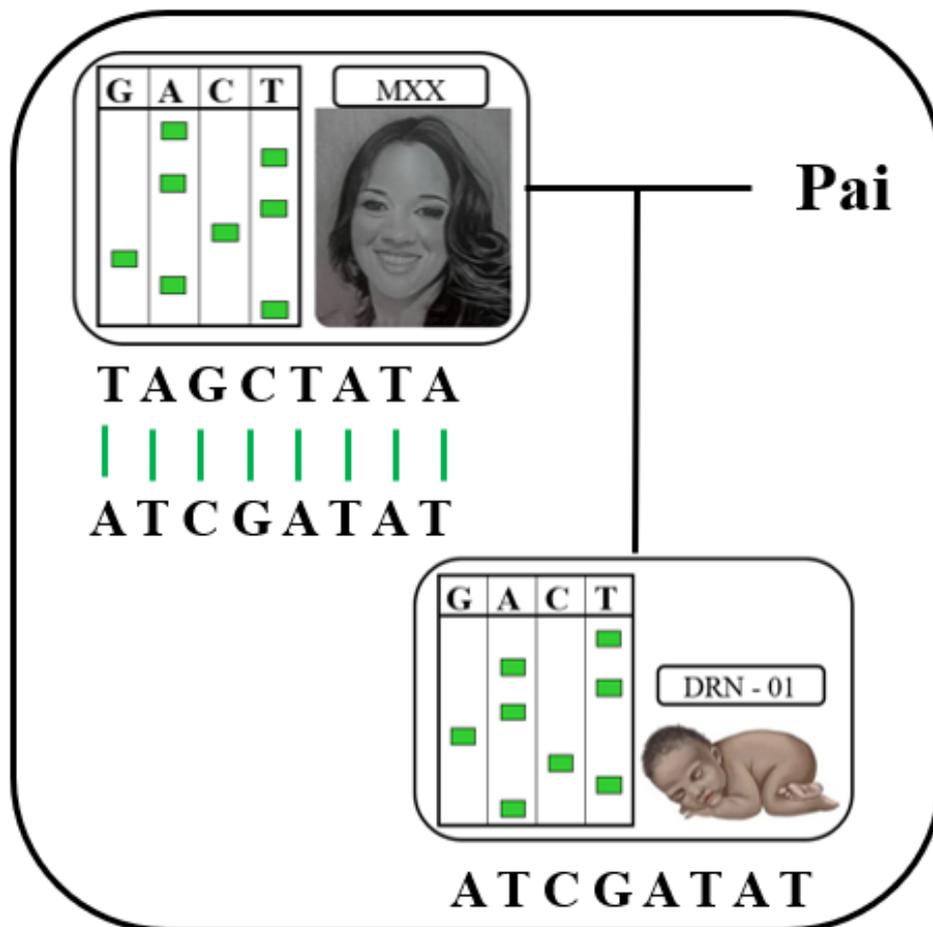
A Figura 3, ilustra a representação gráfica que permite a observação da relação de parentesco entre a parturiente MXX e o bebê recém-nascido RN – 01. Neste caso, comparando-

se as sequências fornecidas, notou-se que a sequência que codifica a informação TAGCTATA na parturiente MXX, provavelmente se manifestou no bebê RN – 01 no sentido contrário, como ATCGATAT.

Desse modo, como ilustrado no sequenciamento da parturiente MXX, o DNA está composto por duas fitas e que uma complementa a outra. Observa-se que o pareamento das bases de cada fita se dá de maneira padronizada, sempre uma purina com uma pirimidina, especificamente: adenina com timina e citosina com guanina. Sendo assim, a sequência TAGCTATA que representa o sequenciamento de DNA reconhecido na parturiente MXX, se complementa com a sequência ATCGATAT reconhecido no bebê (RN – 01).

Portanto, apesar dos seguimentos das moléculas de DNA da parturiente MXX e a do bebê RN – 01 terem sentidos diferentes, significa que neles as posições das bases são inversas em cada seguimento, porém, idênticos entre si. Assim, a partir da representação gráfica (Figura 3), podemos inferir, que a sequência de bases nitrogenadas do DNA do bebê RN – 01 foi herdada da parturiente MXX.

Figura 3. Representação gráfica ilustrando o sequenciamento de DNA em referência a relação de parentesco entre a parturiente MXX e o bebê recém-nascido RN - 01.

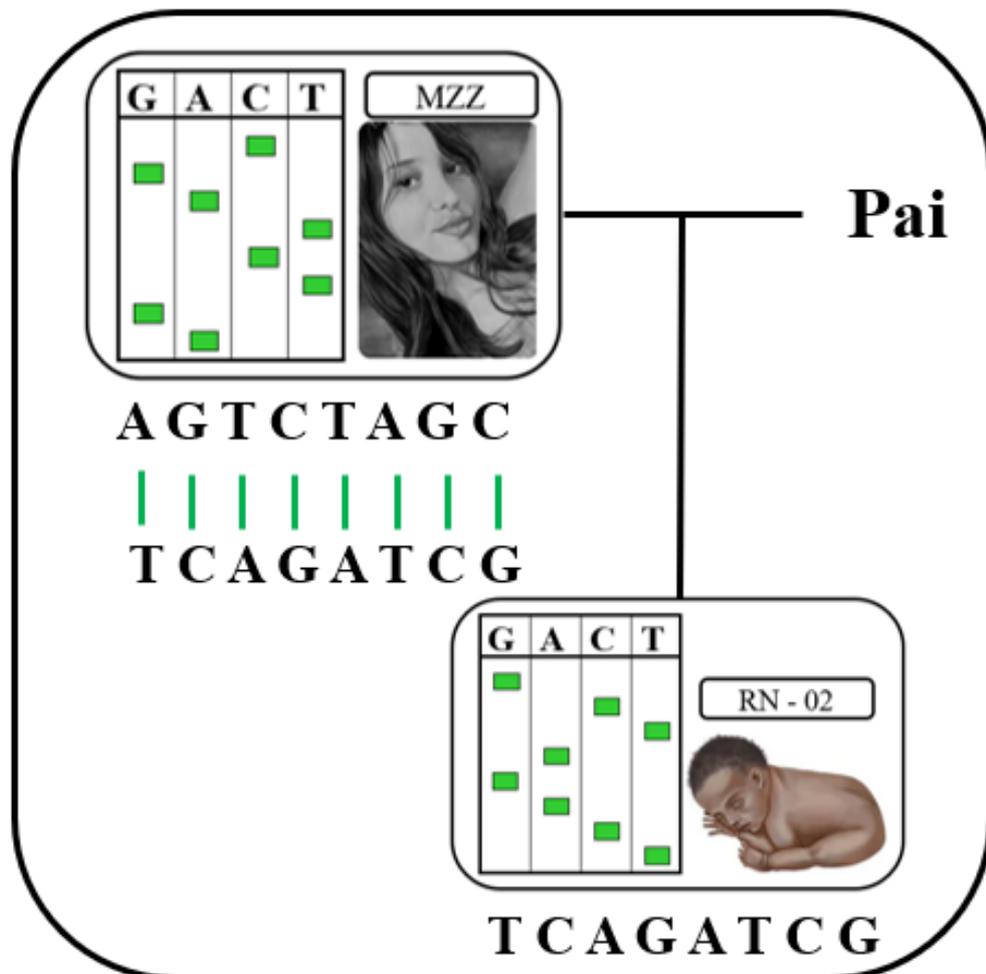


A Figura 4, ilustra a representação gráfica que permite a observação da relação de parentesco entre a parturiente MZZ e o bebê recém-nascido RN – 02. Neste caso, comparando-se as sequências fornecidas, notou-se que a sequência que codifica a informação AGTCTAGC na parturiente MZZ, provavelmente se manifestou no bebê RN – 02 no sentido contrário, como TCAGATCG.

Desse modo, como ilustrado no sequenciamento da parturiente MZZ, o DNA está composto por duas fitas e que uma complementa a outra. Observa-se que o pareamento das bases de cada fita se dá de maneira padronizada, sempre uma purina com uma pirimidina, especificamente: adenina com timina e citosina com guanina. Sendo assim, a sequência AGTCTAGC que representa o sequenciamento de DNA reconhecido na parturiente MZZ, se complementa com a sequência TCAGATCG reconhecido no bebê (RN – 02).

Portanto, apesar dos seguimentos das moléculas de DNA da parturiente MZZ e a do bebê RN – 02 terem sentidos diferentes, significa que neles as posições das bases são inversas em cada seguimento, porém, idênticos entre si. Assim, a partir da representação gráfica (Figura 4), podemos inferir, que a sequência de bases nitrogenadas do DNA do bebê RN – 02 foi herdada da parturiente MZZ.

Figura 4. Representação gráfica ilustrando o sequenciamento de DNA em referência a relação de parentesco entre a parturiente MZZ e o bebê recém-nascido RN - 02.

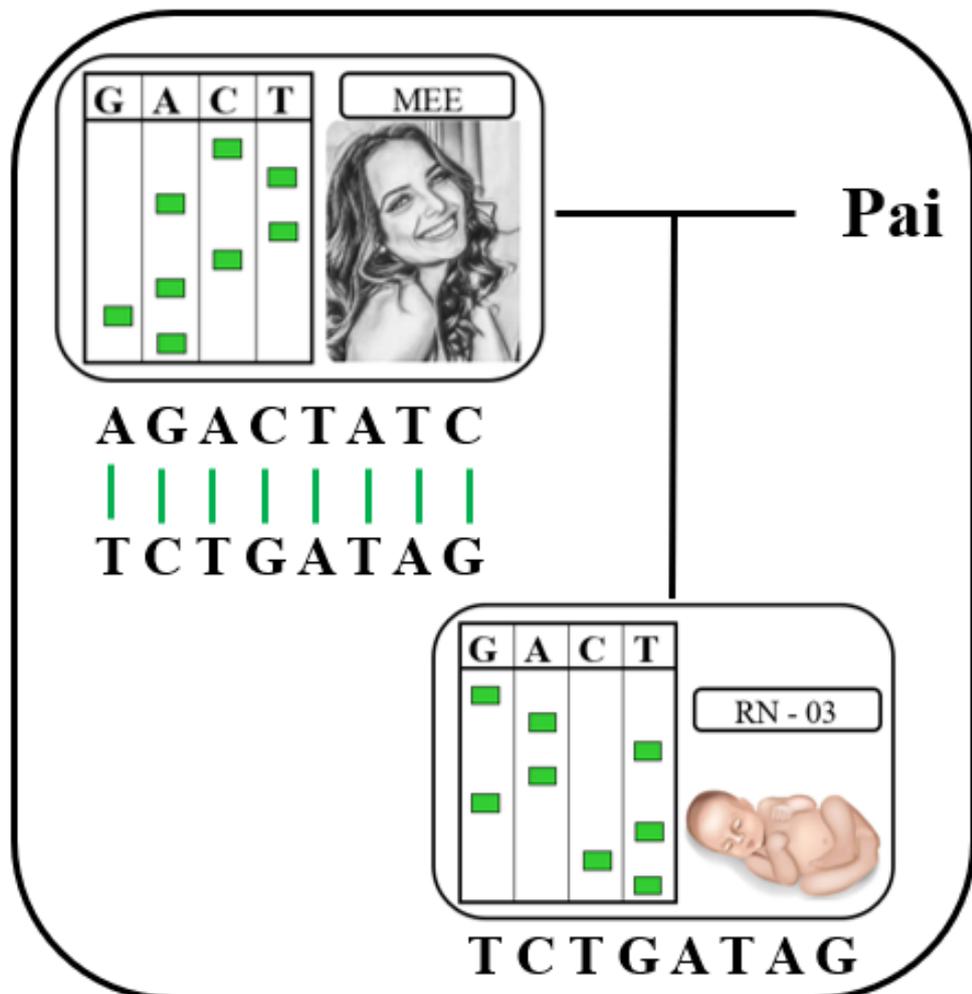


A Figura 5 ilustra a representação gráfica que permite a observação da relação de parentesco entre a parturiente MEE e o bebê recém-nascido RN – 03. Neste caso, comparando-se as sequências fornecidas, notou-se que a sequência que codifica a informação AGACTATC na parturiente MEE, provavelmente se manifestou no bebê RN – 03 no sentido contrário, como TCTGATAG.

Desse modo, como ilustrado no sequenciamento da parturiente MEE, o DNA está composto por duas fitas e que uma complementa a outra. Observa-se que o pareamento das bases de cada fita se dá de maneira padronizada, sempre uma purina com uma pirimidina, especificamente: adenina com timina e citosina com guanina. Sendo assim, a sequência AGACTATC que representa o sequenciamento de DNA reconhecido na parturiente MEE, se complementa com a sequência TCTGATAG reconhecida no bebê (RN – 03).

Portanto, apesar dos seguimentos das moléculas de DNA da parturiente MEE e a do bebê RN – 03 terem sentidos diferentes, significa que neles as posições das bases são inversas em cada seguimento, porém, idênticos entre si. Assim, a partir da representação gráfica (Figura 5), podemos inferir, que a sequência de bases nitrogenadas do DNA do bebê RN – 03 foi herdada da parturiente MEE.

Figura 5. Representação gráfica ilustrando o sequenciamento de DNA em referência a relação de parentesco entre a parturiente MEE e o bebê recém-nascido RN - 03.

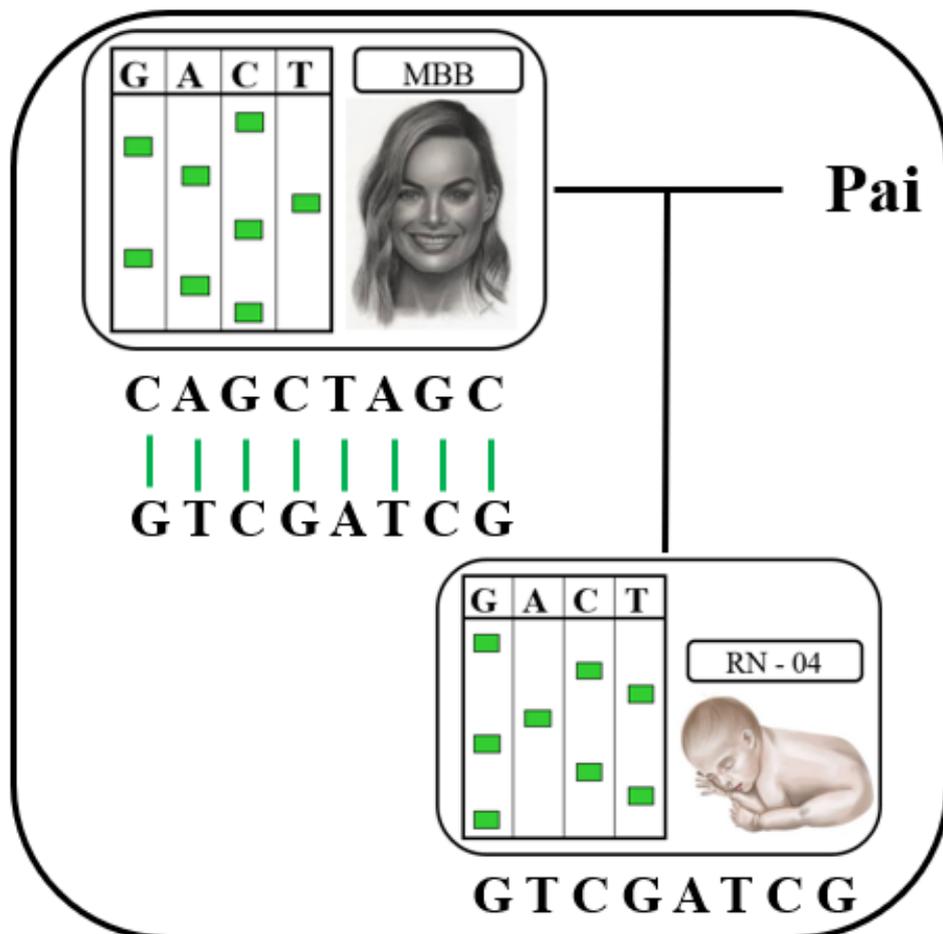


A Figura 6 ilustra a representação gráfica que permite a observação da relação de parentesco entre a parturiente MBB e o bebê recém-nascido RN – 04. Neste caso, comparando-se as sequências fornecidas, notou-se que a sequência que codifica a informação CAGCTAGC na parturiente MBB, provavelmente se manifestou no bebê RN – 04 no sentido contrário, como GTCGATCG.

Desse modo, como ilustrado no sequenciamento da parturiente MBB, o DNA está composto por duas fitas e que uma complementa a outra. Observa-se que o pareamento das bases de cada fita se dá de maneira padronizada, sempre uma purina com uma pirimidina, especificamente: adenina com timina e citosina com guanina. Sendo assim, a sequência CAGCTAGC que representa o sequenciamento de DNA reconhecido na parturiente MBB, se complementa com a sequência GTCGATCG reconhecida no bebê (RN – 04).

Portanto, apesar dos seguimentos das moléculas de DNA da parturiente MBB e a do bebê RN – 04 terem sentidos diferentes, significa que neles as posições das bases são inversas em cada seguimento, porém, idênticos entre si. Assim, a partir da representação gráfica (Figura 6), podemos inferir, que a sequência de bases nitrogenadas do DNA do bebê RN – 04 foi herdada da parturiente MBB.

Figura 6. Representação gráfica ilustrando o sequenciamento de DNA em referência a relação de parentesco entre a parturiente MBB e o bebê recém-nascido RN - 04.

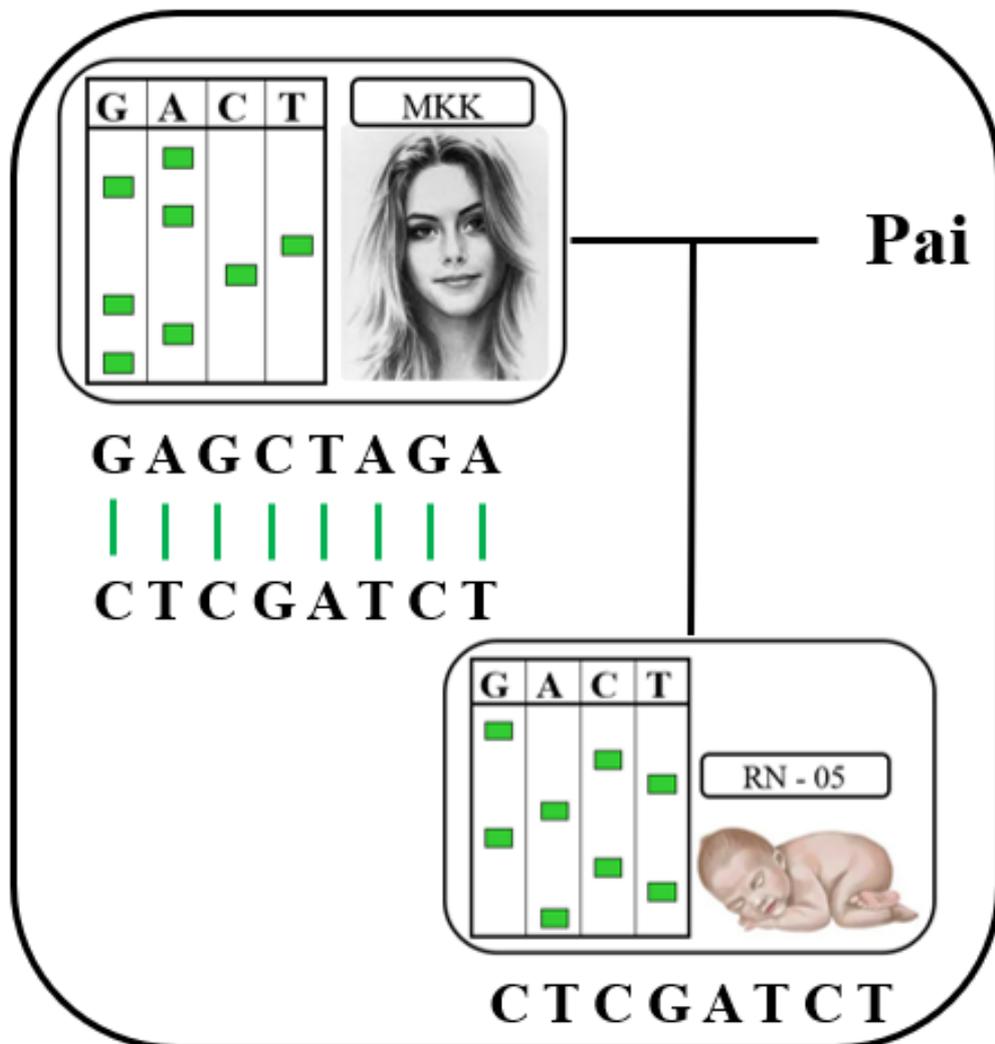


A Figura 7 ilustra a representação gráfica que permite a observação da relação de parentesco entre a parturiente MKK e o bebê recém-nascido RN – 05. Neste caso, comparando-se as sequências fornecidas, notou-se que a sequência que codifica a informação GAGCTAGA na parturiente MKK, provavelmente se manifestou no bebê RN – 05 no sentido contrário, como CTCGATCT.

Desse modo, como ilustrado no sequenciamento da parturiente MKK, o DNA está composto por duas fitas e que uma complementa a outra. Observa-se que o pareamento das bases de cada fita se dá de maneira padronizada, sempre uma purina com uma pirimidina, especificamente: adenina com timina e citosina com guanina. Sendo assim, a sequência GAGCTAGA que representa a sequência de DNA reconhecida na parturiente MKK, se complementa com a sequência CTCGATCT reconhecida no bebê (RN – 05).

Portanto, apesar dos seguimentos das moléculas de DNA da parturiente MKK e a do bebê RN – 05 terem sentidos diferentes, significa que neles as posições das bases são inversas em cada seguimento, porém, idênticos entre si. Assim, a partir da representação gráfica (Figura 7), podemos inferir, que a sequência de bases nitrogenadas do DNA do bebê RN – 05 foi herdado da parturiente MKK.

Figura 7. Representação gráfica ilustrando o sequenciamento de DNA em referência a relação de parentesco entre a parturiente MKK e o bebê recém-nascido RN - 05.

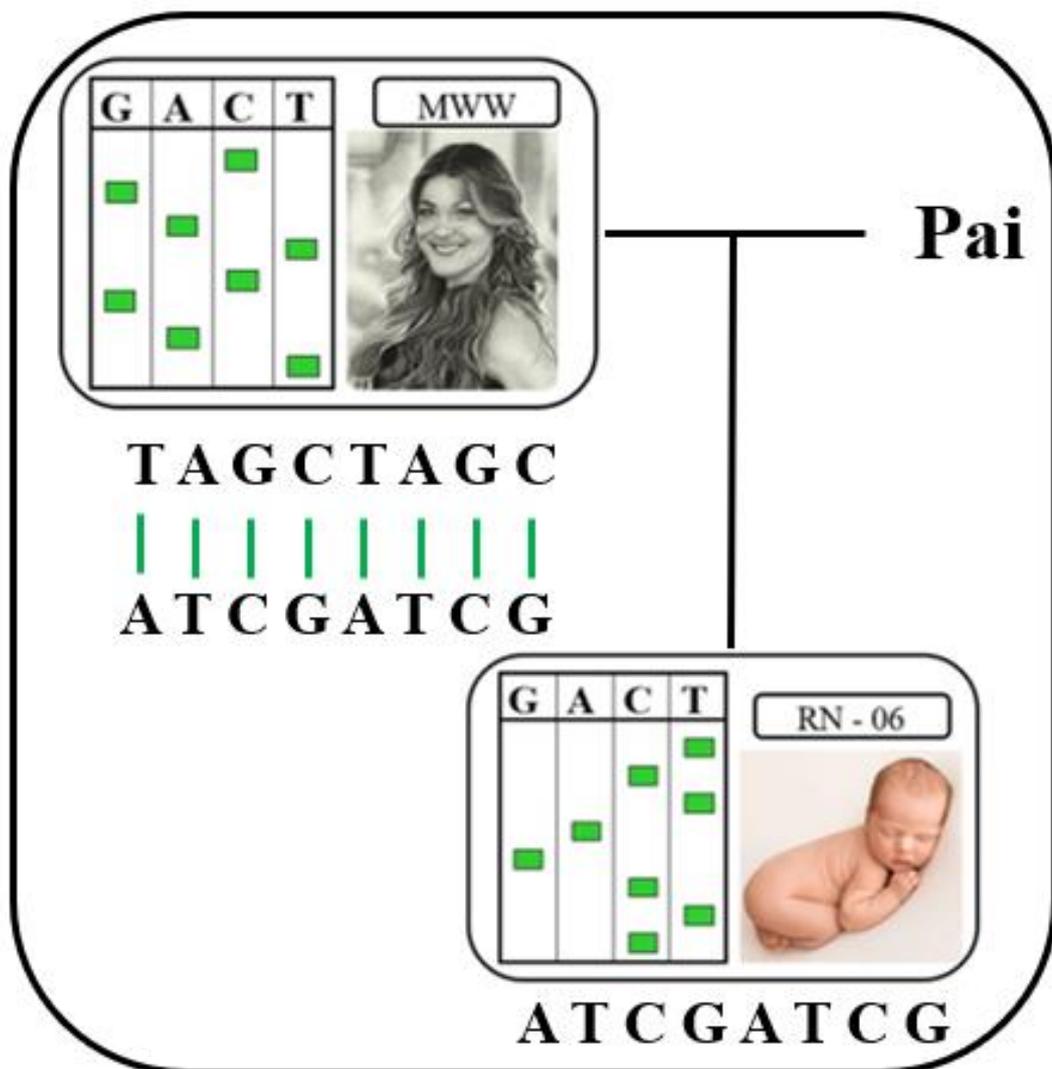


A Figura 8 ilustra a representação gráfica que permite a observação da relação de parentesco entre a parturiente MWW e o bebê recém-nascido RN – 06. Neste caso, comparando-se as sequências fornecidas, notou-se que a sequência que codifica a informação TAGCTAGC na parturiente MWW, provavelmente se manifestou no bebê RN – 06 no sentido contrário, como ATCGATCG.

Desse modo, como ilustrado no sequenciamento do DNA da parturiente MWW, o DNA está composto por duas fitas e que uma complementa a outra. Observa-se que o pareamento das bases de cada fita se dá de maneira padronizada, sempre uma purina com uma pirimidina, especificamente: adenina com timina e citosina com guanina. Sendo assim, a sequência TAGCTAGC que representa o sequenciamento de DNA reconhecido na parturiente MWW, se complementa com a sequência ATCGATCG reconhecida no bebê (RN – 06).

Portanto, apesar dos seguimentos das moléculas de DNA da parturiente MWW e a do bebê RN – 06 terem sentidos diferentes, significa que neles as posições das bases são inversas em cada seguimento, porém, idênticos entre si. Assim, a partir da representação gráfica (Figura 8), podemos inferir, que a sequência de bases nitrogenadas do DNA do bebê RN – 06 foi herdada da parturiente MWW.

Figura 8. Representação gráfica ilustrando o sequenciamento de DNA em referência a relação de parentesco entre a parturiente MWW e o bebê recém-nascido RN - 06.



Os resultados exemplificados das autorradiografias do gel exposto nas Tabelas 1 e 2 e ilustrados nas representações gráficas das Figuras 3 a 8, sugerem que a utilização do modelo didático como atividade (Figuras 1 e 2) possibilitou maior interação entre o conhecimento do professor e dos estudantes. E ainda ao unir o conhecimento científico ao modelo didático, pode-se verificar que, a aula se tornou mais atraente, com mais participação dos estudantes e maior capacidade de prender a atenção.

A relação entre a coerência nas respostas e o desafio da atividade promoveu aprendizagem efetiva, na medida em que se fez necessário entender os conceitos apresentados para definir assertivas adequadas. Além disso, ao terem a oportunidade de discutir no grupo, os estudantes precisaram definir uma linha de raciocínio para interpretar a situação desafio. Assim, a atividade promoveu envolvimento dos estudantes e o contato com os conceitos básicos de genética de modo diferente de uma abordagem tradicional em quem as definições conceituais seriam apresentadas de forma expositiva e por simples demonstração.

Observou-se com este modelo de trabalho, uma visualização mais clara por parte dos estudantes de como o DNA ou ácido desoxirribonucleico se relaciona com a hereditariedade, pois apresentou informações genéticas de cada indivíduo (Tabelas 1 e 2) e garantiu a sua transmissão (Figuras 3 a 8). Portanto, nestes casos, por meio de algo relacionado à vida real, usando o DNA que é o ácido nucleico responsável pela transmissão das características dos ascendentes para os descendentes, que foi ilustrado nas autorradiografias do gel, para o reconhecimento da existência de uma associação biológica entre as parturientes (MBB, MEE, MKK, MWW, MXX e MZZ) e os bebês recém-nascidos (RN – 01, RN – 02, RN – 03, RN – 04, RN – 05 e RN – 06), tornou a atividade mais motivadora.

Para o reconhecimento da existência de uma associação biológica entre as parturientes (MBB, MEE, MKK, MWW, MXX e MZZ) e os bebês recém-nascidos (RN – 01, RN – 02, RN – 03, RN – 04, RN – 05 e RN – 06), foram consideradas as intersecções dos alinhamentos, relativos à complementariedade que se dá com base na formação de pares: adenina forma par com timina e citosina forma seu par com guanina (“A com T e C com G”). A sequência desses nucleotídeos é o que diferencia uma parturiente da outra e um bebê do outro, podendo ser interpretadas como sendo a existência de “uma impressão digital molecular”.

Assim, a compreensão dos conceitos básicos de biologia molecular associado aos de genética, foi essencial para o conhecimento dessas novas tecnologias com utilização do DNA e facilitada pela inserção de recursos didáticos no processo ensino aprendizagem. Segundo Loreto e Sepel (2007), assim como o emprego de modelos foi fundamental no processo de descoberta da estrutura da molécula de DNA, a apresentação dessa estrutura sob forma de modelo nos diferentes níveis de ensino é um grande facilitador para a compreensão de vários fenômenos relacionados ao funcionamento do DNA. Algumas características da molécula de DNA são facilmente representadas em figuras e outras exigem esquemas mais elaborados e maior esforço de abstração.

Conceitualmente Griffiths et al. (2006); Amabis & Martho (2007); Snustad & Simmons (2008); Alberts et al. (2010); Lopes & Rosso (2016) destacam que as várias combinações das bases: adenina, timina, guanina e citosina, produzem as diferenças biológicas entre as espécies, sendo que tais informações genéticas são passadas de uma geração para a outra, no momento da concepção. De acordo com os autores Vieira & Gazzineli (1991); Griffiths et al. (2016); Lopes & Rosso (2016) a unidade mais simples que forma o ácido nucléico é o nucleotídeo, que, por sua vez, é composto de três moléculas ainda mais simples; uma base nitrogenada, uma pentose e ácido fosfórico.

Assim, seguindo o raciocínio de Alberts et al. (2010) foi possível comparar as informações do material genético das parturientes (MBB, MEE, MKK, MWW, MXX e MZZ) com as dos bebês recém-nascidos RN – 01, RN – 02, RN – 03, RN – 04, RN – 05 e RN – 06 (Figura 4 a 8).

O exame de DNA, portanto, é mais um aliado da ciência na busca da verdade biológica. Segundo os autores Gardner & Snustad (1986) a genética é uma ciência de potenciais. Trata da transferência de informação biológica de célula para célula, dos pais para os filhos e assim, de geração para geração.

Assim, parece estar demonstrado que é possível e ao mesmo tempo necessário associar ciências aparentemente diferentes, mas com objetivos comuns, como é o caso da genética e a biologia molecular.

A evolução biotecnológica proporciona uma série de recursos, entre os quais a utilização do ácido desoxirribonucleico (DNA), que permite definir com precisão as diferenças entre um indivíduo e outro. São inúmeras as utilidades dessa evolução, interessou neste trabalho aquela que diz respeito à vida e a identificação de indivíduos.

Para Viveiro & Campos (2014) a sociedade na qual estamos inseridos vem passando por mudanças ambientais, científicas, tecnológicas e sociais, o que reforça a necessidade de mudanças no processo de ensino/aprendizagem a fim de se formar cidadãos com atitudes investigativas e críticas. A utilização de estratégias didáticas é de suma importância para o aprendizado e para a concretização destas mudanças aprimorando o ensino, tornando alguns conteúdos ditos como mais complexos, algo de fácil assimilação. Nesta perspectiva, a utilização dos diferentes modelos didáticos inovadores dentro da sala de aula pode ser entendida como estratégia poderosa para a promoção do aprendizado.

Nesse contexto, os autores Madureira et al. (2016) citaram como uma metodologia ativa a utilização de modelos didáticos no ensino, que são consideradas ferramentas bastante sugestivas e eficazes para prática pedagógica, que além de facilitarem o conhecimento, permitem ao professor despertar o interesse, tornando a aula mais prazerosa e motivando-os a participarem e se envolverem no processo de ensino e aprendizagem.

Dentre os diversos conteúdos que a Biologia desenvolve no ensino médio, encontra-se o de Genética, que segundo os autores Cid & Neto (2005) apresenta-se como um dos mais temidos e de grande dificuldade de aprendizado. O conhecimento das principais dificuldades e condicionantes de aprendizagem que os alunos, em geral, enfrentam ao estudar um novo tópico de Biologia constitui, um dos fatores que podem fornecer, elementos importantes para que os professores transformem o conteúdo a ser ensinado.

Com o desenvolvimento de novas tecnologias, a genética e, conseqüentemente, o ensino, passam por transformações. Dessa forma, o processo educativo deve ser atualizado, com a utilização de metodologias ativas e recursos didáticos que proporcionam ao discente o estímulo necessário à pesquisa e à busca por conhecimentos. Para isso, de acordo com os autores Silva (2018); Rezende & Gomes (2018); Nascimento et al. (2020); Medeiros et al. (2021); Medeiros, Alves, Kimura (2022 e 2023) os professores podem promover atividades práticas e experimentais, além da construção e aplicação de modelos didáticos, confeccionados com materiais de baixo custo, de fácil acesso e manuseio em sala de aula.

É importante acrescentar ainda que a produção de modelos didáticos no ensino superior, especificamente na formação inicial de professores, constitui-se como tema de pesquisa, uma vez que a literatura aponta como sendo uma prática pouco executada pelos professores formadores nas universidades.

CONCLUSÃO

Conclui-se que são vários os benefícios alcançados pela utilização da representação didática abordando o conteúdo de identificação pessoal e da verificação de vínculo genético entre parturientes e bebês recém-nascidos, utilizando a parte experimental da sequenciação de bases nitrogenadas do DNA.

A facilitação do entendimento e da aprendizagem do processo biológico em questão foi o principal ponto positivo do modelo, visto que os licenciandos ficaram motivados, procurando solucionar os casos das relações de parentesco relacionados aos bebês recém nascidos.

O modelo didático também possibilitou a socialização, promovendo o trabalho em grupo. Dessa forma, exercitou a habilidade dos alunos em respeitar as diferentes opiniões e tomar decisões para a construção das figuras e das tabelas.

Observou-se que os alunos gostaram da experiência e que conseguiram aprender e compreender os conceitos que envolvem a sequenciação de bases nitrogenadas do DNA, como também suas aplicações na transmissão de informações genéticas, além de reforçar o conteúdo da origem da variabilidade genética entre os indivíduos. Assim, o uso do modelo proposto se mostrou uma metodologia eficiente para subsidiar professores em sua prática pedagógica dentro do conteúdo de genética.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALBERTS, B.; JOHNSON, A.; LEWIS, J.; RAFF, M.; ROBERTS, K.; WALTER P. *Biologia Molecular da Célula*, 5ª edição, Porto Alegre: Artmed, 2010.
- AMABIS, J. M.; MARTHO G. 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).
- BRASIL. Ministério da Educação – Secretaria 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).
- CAVALCANTE, D.; SILVA, A. Modelos didáticos e professores: concepções de ensino-aprendizagem e experimentações. In: XIV Encontro Nacional de Ensino de Química, Curitiba, UFRP, Julho de 2008.
- CID, M.; NETO, A. J. Dificuldades de aprendizagem e conhecimento pedagógico do conteúdo: o caso da genética. *enseñanza de las ciencias*, 2005. número extra. vii congresso.
- CORAZZA-NUNES, M. J. et al. (2006). Implicações da mediação docente nos processos de ensino e aprendizagem de biologia no ensino médio. *Revista Electrónica de Enseñanza de las Ciencias*, 5(3), 522-533.
- GARDNER, E. J.; SNUSTAD, D. P. *Genética*. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 1986.
- GRIFFITHS, A. J. F; WESSLER, S. R; LEWONTIN, R. C.; CARROLL, S. B. *Introdução à Genética*. 11ª ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2016.
- JUSTI, R. La Enseñanza de ciencias basada em la Elaboración de Modelos. *Enseñanza de Las Ciencias. Enseñanza de las Ciencias*, Barcelona, v. 24, n. 2, 2006.
- LARENTIS, L. T.; AMANCIO, J. S.; GHISI, N. C. Uma abordagem prática para o ensino de genética: mapas genéticos. *Arquivos do Mudi*, 24(1), 96-106. (2020).
- LIMA, M. M. O. et al. (2020). Practical Biology activities: an investigative teaching sequence about the cell cycle. *Research, Society and Development*, 9(9), 1-22.
- LOPES, S.; ROSSO, S. *Biologia – volume 3*. 3 ed. São Paulo: Saraiva, 2016.
- LORETO, E. L. S.; SEPEL, L. M. N. Estrutura do DNA em origami – Possibilidades Didáticas. *Genética na Escola*, 02 (01), 3-5. (2007).

MADUREIRA, H. C. et al. O uso de modelagens representativas como estratégia didática no ensino da biologia molecular: entendendo a transcrição do DNA. Revista 6. Científica Interdisciplinar. V. 3, n. 1, p. 17-25, jan/mar. 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.

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T. 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. Revista Biodiversidade - v.22, n.1, 2023, p. 33 – 52.

MENCK, C. M. *Genética Molecular Básica*. Guanabara Koogan, 2017.

NASCIMENTO, R. G. et al. (2020). Prática lúdica ‘DNA recombinante’ e sua influência na percepção e no conhecimento de estudantes sobre biotecnologia e enzimas de restrição. *Experiências em Ensino de Ciências*, 15(20), 262-282.

NICOLA, J. A.; PANIZ, C. M. A importância da utilização de diferentes recursos didáticos no ensino de ciências e biologia. *Infor, Inov. Form., Rev. NEaD-Unesp*, n.1, v. 2, p.355-381, 2016.

ORLANDO, T. C.; LIMA, A. R.; 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. E. Planejamento, Montagem e Aplicação de Modelos

Didáticos para Abordagem de Biologia Celular e Molecular no Ensino Médio por Graduandos de Ciências Biológicas. *Revista Brasileira de Ensino de Bioquímica e Biologia Molecular*, n.1, p. 1 – 17, 2009.

SILVA, J. S.; FONTES, L. S. “Combatendo os nematelmintos parasitas”: jogo didático para facilitar a aprendizagem. *Revista Eletrônica Ensino, Saúde e Ambiente*, 10, 127-143. (2018).

SILVA, J. S.; SARAIVA, E. S. The importance of didactic sequence (SD) in environmental education: an experience report at the Monsenhor Boson Full-Time Education Center. *Research, Society and Development*, 9(6), 1-14. (2020).

SNUSTAD, P.; SIMMONS, M. J. *Fundamentos de Genética*. Rio de Janeiro: Guanabara-Koogan. 4ª ed. 922p. (2008).

VIEIRA, E. C.; GAZZINELI, G.; GUIA, M. M. *Biologia celular e biologia molecular*. Rio de Janeiro: Atheneu, 1991.

VIVEIRO, A. A.; CAMPOS, L. M. L. Formação inicial de professores de ciências: reflexões e abordagens das estratégias de ensino e aprendizagem em um curso de licenciatura. *ALEXANDRIA: Revista de Educação em Ciência e Tecnologia*, v.7, n.2, p.221-249, 2014.