

UTILIZAÇÃO PRÁTICA DE UM MODELO DIDÁTICO PARA ESTUDO DE POLIMORFISMOS DA COR DA PELAGEM DE UMA POPULAÇÃO DE CÃES DOMÉSTICOS CONSIDERANDO DOIS LOCI

Mauro Osvaldo Medeiros¹

Sueli Maria Alves¹

Marcelo Teiji Kimura²

RESUMO: A Genética de Populações implica no estudo da frequência e distribuição de diferentes variantes genéticas, mutações e alelos em grupos de organismos de uma mesma espécie. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi estudar os mecanismos da hereditariedade da cor da pelagem de um grupo de cães domésticos em nível populacional, levando em conta um modelo didático de uma amostra aleatória de uma população fictícia, determinando as frequências genotípicas e alélicas, proporcionando uma interação da genética com a dinâmica populacional, e propiciando aos professores e alunos a utilização de materiais alternativos que sejam mais dinâmicos e atraentes para a fixação do conteúdo no ensino da Genética de Populações. Para tal, foi aplicado uma atividade que consistiu de uma sequência didática que foi desenvolvida a partir de ilustrações de figuras de cães domésticos simulando quatro variedades fenotípicas de cores da pelagem, sendo expresso igualmente de forma independente por dois pares de alelos entre os sexos masculino e feminino. Cor escura com ausência de manchas brancas, cor clara com ausência de manchas brancas, cor escura com presença de manchas brancas e cor clara com presença de manchas brancas. Conclui-se que foram vários os benefícios alcançados pela utilização do modelo didático proposto, ilustrando um caso de prática investigativa de duas variedades independentes de cores da pelagem em um grupo de cães domésticos em nível populacional, características que foram usadas para determinar a frequência de cada alelo do grupo populacional, além da frequência de heterozigotos e de homozigotos. Cabe também destacar que o emprego dessa metodologia promoveu um estudo interdisciplinar entre a biologia e a matemática, podendo contribuir para o desenvolvimento pessoal e cognitivo do aluno, visto que eles precisam pensar, raciocinar, interpretar e, ao final da investigação, relatar os resultados encontrados. Pode-se constatar durante a experiência em sala de aula, a motivação dos alunos ao trabalharem com os próprios dados coletados ao encontrarem um jeito de manipular esses dados para prever numericamente as frequências gênicas ou alélicas, identificando que os quatro fenótipos diferentes de pelagem originaram-se da existência de dois pares de alelos distintos de dois *locus*, estando na dependência de nove combinações de genótipos distintos.

Palavras-chave: Frequências Gênicas e Genotípicas. Alelo. Modelo Didático. Ensino por investigação.

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

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

PRACTICAL USE OF A DIDACTIC MODEL TO STUDY COAT COLOR POLYMORPHISMS OF A POPULATION OF DOMESTIC DOGS CONSIDERING TWO LOCI

ABSTRACT: Population Genetics involves the study of the frequency and distribution of different genetic variants, mutations and alleles in groups of organisms of the same species. Thus, the objective of this work was to study the mechanisms of coat color heredity in a group of domestic dogs at a population level, taking into account a didactic model of a random sample from a fictitious population, determining the genotypic and allelic frequencies, providing an interaction between genetics and population dynamics, and enabling teachers and students to use alternative materials that are more dynamic and attractive for establishing content in teaching Population Genetics. To this end, an activity was applied that consisted of a didactic sequence that was developed from illustrations of figures of domestic dogs simulating four phenotypic varieties of coat colors, being expressed equally independently by two pairs of alleles between the male and female sexes. feminine. Dark color with the absence of white spots, light color with the absence of white spots, dark color with the presence of white spots and light color with the presence of white spots. It is concluded that there were several benefits achieved by using the proposed didactic model, illustrating a case of investigative practice of two independent varieties of coat colors in a group of domestic dogs at a population level, characteristics that were used to determine the frequency of each allele of the population group, in addition to the frequency of heterozygotes and homozygotes. It is also worth highlighting that the use of this methodology promoted an interdisciplinary study between biology and mathematics, which could contribute to the student's personal and cognitive development, as they need to think, reason, interpret and, at the end of the investigation, report the results found. It can be seen during the classroom experience, the students' motivation when working with their own collected data when they find a way to manipulate this data to numerically predict the gene or allele frequencies, identifying that the four phenotypes different coats originated from the existence of two pairs of distinct alleles from two locus, depending on nine combinations of distinct genotypes.

Keywords: Gene and Genotypic Frequencies. Allele. Didactic Model. Teaching by investigation.

INTRODUÇÃO

A Genética de Populações é a ciência que estuda as frequências gênicas, genotípicas e fenotípicas nas populações e as forças capazes de alterá-las ao longo das gerações. Consiste na investigação da variabilidade genética dentro das populações. Isso implica no estudo da frequência e distribuição de diferentes variantes genéticas, mutações e alelos em grupos de organismos de uma mesma espécie.

Segundo os autores Ramalho et al. (2008) população é um conjunto de indivíduos da mesma espécie, que ocupa o mesmo local apresentando continuidade no tempo e cujos indivíduos possuem capacidade de se acasalar ao acaso, portanto, de trocar genes alelos entre si. Assim, uma população natural é formada por um conjunto de indivíduos de uma espécie contendo diversas famílias com muitos genótipos diferentes. Desse modo, a estrutura da população é definida pela frequência dos alelos que compõem os diferentes genótipos das diferentes famílias.

Idealmente, uma população natural é formada por todos os indivíduos que, ao se reproduzir uns com os outros, compartilham de um pool gênico, que é formado pelo conjunto total de informações genéticas compartilhadas pelos membros reprodutivos da população.

Segundo os autores Butler et al. (2004); Ferreira et al. (2011) o cão doméstico é uma das espécies de animais mais comum e difundida em todo o mundo, vivendo em intensa associação com os humanos, os cães acompanham o homem há cerca de 15.000 anos (SAVOLAINEN et al., 2002). E de acordo com Hughes & Macdonald (2013) é um dos animais domésticos mais abundantes da Terra, com estimativa populacional de mais de 700 milhões de indivíduos, ou seja, correspondendo a 10% da população humana. No Brasil, estima-se que haja 25 milhões de cães (CAMPOS et al. 2007).

Embora exista uma grande variedade de cães domésticos, todos eles pertencem à mesma espécie (*Canis lupus familiaris* Linnaeus, 1758), sendo as raças resultantes de diversos fatores, como condições sociais, geográficas e climáticas; além da seleção artificial, feita pelos humanos, visando à obtenção de animais aptos para finalidades particulares.

A diversidade das formas e colorações de suas pelagens que podem ser facilmente observadas pela enorme variedade de características, surgiu devido a seleção artificial realizada pelo homem. Assim, o foco deste estudo é a genética populacional da coloração da pelagem canina considerando padrões de dominância em dois loci gênicos. Nesse modelo didático foram estudados em uma população ilustrada por cães domésticos, dois fenótipos ao mesmo tempo, gerados pela expressão de dois genes independentes que determinam a coloração da pelagem além da presença ou não de manchas brancas ao longo do corpo do animal.

Neste contexto, este estudo propõe de forma interdisciplinar Brasil (1996, 1997, 1999, 2013, 2014, 2017, 2018), a utilização de uma sequência didática que facilite a compreensão dos alunos para o estudo da frequência dos alelos que compõem os diferentes genótipos compartilhados por um grupo populacional hipotético de cães domésticos, considerando dois loci, tendo como exemplificação a transmissão do caráter cor do pelo e da presença ou não de manchas brancas ao longo do corpo do animal, ilustrado por uma representação gráfica onde cada indivíduo representado mostra a sua característica particular e a relação com os demais.

Quando falamos em calcular frequências gênicas ou alélicas, queremos saber qual a quantidade de cada um dos alelos de um determinado locus está presente na população. Este procedimento é importante para prever as frequências genotípicas deste locus na próxima geração, o que pode ser de grande interesse na criação de animais, cultivo de plantas, preservação de espécies etc.

Os autores Nascimento Júnior & Souza (2009); Medeiros, Alves, Kimura (2024) destacaram em seus trabalhos que os modelos didáticos podem facilitar o aprendizado por

funcionarem como complementos às ilustrações dos livros didáticos e também por serem concretos podendo ser manipulados e visualizados, evidenciando seus detalhes estruturais.

O ensino por simulações de modelos didáticos é ressaltado como vantajoso por diversos autores, entre os quais (JUSTINA & FERLA, 2006; DUSO VILHENA et al., 2010; 2012; DELLA & FERLA, 2013; MEDEIROS et al., 2021; 2022; MEDEIROS, ALVES, KIMURA, 2022; 2023; 2024). Esses autores destacam esse tipo de recurso metodológico como inovador e que possibilita o aprendizado dos conteúdos considerados difíceis, por permitirem uma visualização que propicia a reflexão, o debate e a participação do estudante no processo de aprendizagem, estimulando o raciocínio, a criatividade, a interatividade, a capacidade de decisão e a pesquisa.

Aprender Genética de Populações não é uma tarefa fácil, pois requer capacidade de abstração. E neste sentido, é necessário a aproximação dos conteúdos com temas mais próximos das experiências dos estudantes. Assim, segundo os autores Medeiros et al. (2021) o papel do professor no ensino de Genética de Populações é determinante, pois, atua como facilitador da aprendizagem, proporcionando situações e selecionando atividades variadas ao desenvolvimento do aluno, por meio de metodologias adequadas. Desta forma é necessário que o professor utilize meios didáticos metodológicos de fácil compreensão, para que seus alunos saibam interpretar e compreender todo conhecimento repassado para eles. Nesse sentido, um dos grandes desafios encontrados pelos professores ao ensinar o conteúdo de genética de populações aos seus alunos é como associar o conteúdo a ser ministrado com a prática, de forma a facilitar o processo ensino aprendizagem.

Assim, esse modelo didático consiste numa simulação prática para mostrar ao estudante que a dinâmica dos genes de um grupo fictício populacional de cães domésticos pode ser compreendida por meio do estudo das suas frequências gênicas e genóticas, onde com esta atividade, eles poderão consolidar conhecimentos teóricos da importância e dos princípios que regem a genética de populações para a evolução biológica. Portanto, será demonstrado através do uso de um modelo a diversidade genética dos organismos e sobre como podemos estudar essa diversidade, não de forma isolada, mas, sim, em um grupo de organismos. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi estudar os mecanismos da hereditariedade da cor da pelagem de um grupo de cães domésticos em nível populacional, levando em conta um modelo didático de uma amostra aleatória de uma população fictícia, determinando as frequências genóticas e alélicas, proporcionando uma interação da genética com a dinâmica populacional, e propiciando aos professores e alunos a utilização de materiais alternativos que sejam mais dinâmicos e atraentes para a fixação do conteúdo no ensino da Genética de Populações.

MATERIAL E MÉTODOS

O modelo didático (Figura 1) e (Tabelas 1 a 5) exposto neste estudo, foi desenvolvido na Universidade Federal do município de Rondonópolis do Estado de Mato Grosso, para que os Licenciandos de Ciências Biológicas entendessem melhor conceitos teóricos referentes a Genética de Populações, visando descrever as características da pelagem considerando dois loci gênicos de uma população fictícia de cães domésticos e calcular e interpretar as frequências alélicas e genóticas projetadas pela variabilidade dos seus fenótipos.

A sequência didática apresentada (Figura 1) foi desenvolvida a partir de ilustrações de figuras de cães domésticos simulando quatro variedades de cores de pelos, sendo expressos igualmente entre os sexos masculino e feminino. Cor escura com ausência de manchas brancas, cor clara com ausência de manchas brancas, cor escura com presença de manchas brancas e cor clara com presença de manchas brancas.

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 com explicações teóricas do tema abordado, de maneira que os alunos pudessem se contextualizar, compreender e se envolver com as expressões genéticas que são utilizadas para se referir a esse tema.

Na segunda aula (50 min) foi aplicado o experimento simulado, no qual foi colocado para investigação, a amostra populacional fictícia de cães domésticos (Figura 1) que permitia aos licenciandos comparar indivíduos com ênfase nos padrões de semelhança e diferenças individuais da pelagem.

As Tabelas 1 a 6, foram construídas para serem preenchidas com as informações obtidas pelas imagens disponibilizadas na amostra populacional (Figura 1) e com pretensões de que os licenciandos desenvolvam a competência da argumentação científica.

Estratégia do modelo didático proposto

A genética de populações estuda as manifestações da herança no nível populacional. Ela trabalha com modelos, ou seja, representações simplificadas da realidade, usando para isso os elementos que participam do fenômeno (genes, genótipos, fenótipos, gametas, etc.), representados simbolicamente e regras operacionais capazes de traduzir os fenômenos que estão sendo estudados. Estas regras operacionais, em geral, estão sujeitas a princípios matemáticos e estatísticos, de modo que os modelos são chamados de modelos matemáticos.

O modelo didático (Figura 1) foi elaborado após vários estudos, com representações didáticas e fontes de informações, que fossem, para os licenciandos e professores de 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 (Figura 1) analisando as diferenças fenotípicas da pelagem de uma população hipotética de cães domésticos. As informações coletadas foram organizadas em tabelas para se ter um melhor entendimento das diferentes opções de respostas escolhidas pelos alunos.

Com base nos dados obtidos, foi realizada uma análise do perfil genético-populacional do grupo de cães, considerando-se a dinâmica populacional postulada pelo teorema do equilíbrio de Hardy-Weinberg (HARDY, 1908; WEINBERG, 1908 apud BEIGUELMAN, 2008).

Apresentação e estratégia de resolução da situação-problema

Ao se pensar em trabalhar com a aplicação de modelos representativos em aulas de genética de populações, deve-se levar em consideração a multidisciplinaridade, fazendo interação com outras disciplinas, pois a partir do momento em que mais de uma disciplina está envolvida, o conhecimento se amplia e o aprendizado tende a ser bem maior, o que enriquece e aprofunda o assunto estudado e qualifica a compreensão.

Na Figura 1, é mostrada uma parte da variabilidade existente em um grupo de cães domésticos da mesma espécie, que apresentam ao mesmo tempo diferentes genótipos relacionados a dois loci gênicos que independentes determinam a coloração da pelagem além da presença ou não de manchas brancas ao longo do corpo do animal.



Figura 1. Modelo didático confeccionado com perspectivas de utilização no processo de ensino e aprendizagem de Genética de Populações, ilustrando hipoteticamente a diversidade fenotípica da coloração da pelagem do grupo de cães domésticos da mesma espécie, vivendo em uma área geográfica restrita, de maneira que qualquer membro possa acasalar com outro membro nessa população para a definição das frequências fenotípicas, alélicas e genotípicas. (Fonte: Os autores).

É relevante destacar que no modelo didático apresentado (Figura 1), o foco do estudo é a população de cães domésticos, definida como uma população em que os indivíduos estão em cruzamento sexual e compartilhando um Pool de genes. O pool de genes é entendido como a soma total dos genes existentes nos gametas reprodutivos de todos os indivíduos da população. E nas populações, herdamos as frequências dos genes, ou gênicas, em vez de genes.

A Figura 2, destaca a diversidade fenotípica da pelagem do grupo de cães domésticos da mesma espécie (Figura 1) que apresentam os quatro diferentes fenótipos relacionados a **duas** características da pelagem determinadas pela cor escura com ausência de manchas brancas (01), escura com presença de manchas brancas (02), clara com ausência de manchas brancas (03) e clara com presença de manchas brancas (04).

Diversidade fenotípica da pelagem			
			
01	02	04	05
Escura com ausência de manchas	Escura com presença de manchas	Clara com ausência de manchas	Clara com presença de manchas

Figura 2. Polimorfismo que ocorrem na população entre os cães no modelo didático da Figura 1.

Descrição da composição genética da população de cães domésticos (Figura 1)





A composição genética da população pode ser descrita, para qualquer loco gênico, em termos das frequências de seus alelos ou genótipos. Assim, para descrever a constituição genética desse grupo populacional hipotético de cães domésticos, teremos de especificar dois atributos importantes: as frequências gênicas e o conjunto gênico.

Nesse grupo de cães domésticos, é importante destacar que, os parâmetros que se utilizaram para descrever a existência das classes fenotípicas e genotípicas foram a relação de dominância $E > e$, $M > m$, bem como as seguintes relações genótipo/fenótipo: (**E**) determinante da produção da pelagem de cor escura; (**e**) determinante da produção de pelagem de cor clara, (**M**) determinante de pelagem com ausência de manchas brancas e (**m**) determinante da pelagem com presença de manchas brancas.

A Estatística foi uma ferramenta matemática muito utilizada, organizando dados e apresentando informações claras e objetivas de genes alelos, classes fenotípicas e classes genotípicas. Utilizando a população de cães (Figura 1), foram construídas várias tabelas de frequência absoluta e frequência relativa. Desse modo, para auxiliar na pesquisa e no processo de ensino-aprendizagem referente a atividade (Figura 1), foi disponibilizada também aos alunos as Tabelas 1 a 6, que foram organizadas para coletar as informações quanto as ocorrências das quatro classes fenotípicas.





Embora não seja possível distinguir visualmente todas as classes genotípicas projetadas pela variabilidade dos fenótipos de pelagem da população dos cães domésticos (Figuras 1 e 2); a Tabela 1, foi construída com o propósito dos alunos descreverem todas as combinações das classes genotípicas que podem ser destacadas baseado na identificação das diferenças fenotípicas da população de cães.

Tabela 1.

Variabilidade	Fenótipo	Genótipos possíveis	Total
			
			
			
			





A Tabela 2, foi construída para gerar informações das ocorrências de frequências fenotípicas absolutas e relativas da amostra populacional que estão sendo projetadas pela variabilidade fenotípica existente no grupo de cães (Figura 1).

Tabela 2.

Variabilidade	Fenótipo		Frequência absoluta	Frequência relativa	%
	Coloração	Mancha branca			
					
					
					
					





A Tabela 3, foi construída para gerar informações das ocorrências de frequências das classes genotípicas da amostra populacional que estão sendo projetadas pela variabilidade fenotípica existente no grupo de cães (Figura 1).

Tabela 3.

Variabilidade	Fenótipo	Genótipos	Calculo da Frequência das Classes Genotípica (Probabilidade)	Classes Genotípicas (%)
	Pelagem escura e ausência de manchas	EEMM		
		EEMm		
		EeMM		
		EeMm		
	Pelagem escura e presença de manchas	EEmm		
		Eemm		
	Pelagem clara e ausência de manchas	eeMM		
		eeMm		
	Pelagem clara e presença de manchas	eemm		


A Tabela 4, foi construída para gerar informações do número total de cães e das ocorrências das frequências fenotípicas relativas e possíveis genótipos da amostra populacional que estão sendo projetadas pela variabilidade fenotípica da cor da pelagem existente no grupo de cães (Figura 1).


Tabela 4.

Pelagem escura	Numero de cães	Total	F(Pelagem escura)	Genótipo	Frequência genotípica
 + 					
Pelagem clara	Numero de cães	Total	F(Pelagem clara)	Genótipo	Frequência genotípica
 + 					

A Tabela 5, foi construída para gerar informações do número total de cães e das ocorrências das frequências fenotípicas relativas e possíveis genótipos da amostra populacional que estão sendo projetadas pela variabilidade fenotípica associada a ausência ou presença de manchas brancas existente na pelagem do grupo de cães (Figura 1).

Tabela 5.

Ausências de manchas	Numero de cães	Total	F(Ausência manchas)	Genótipo	Frequência genotípica
					

Presença de manchas	Numero de cães	Total	F(Presença manchas)	Genótipo	Frequência genotípica
					

A Tabela 6, foi construída para gerar informações das frequências das combinações de genótipos e, a partir dessas ocorrências, estimar o número de cães correspondente a cada uma dessas classes e estimar o número de genes alelos que estão sendo projetados pela variabilidade fenotípica associada a cor da pelagem (EE, Ee, ee) e ausência ou presença de manchas brancas (MM, Mm, mm) dentro da população (Figura 1).

Tabela 6.

Fenótipo	Genótipos	Frequência Relativa	Numero de cães Estimados	Numero de alelos estimados			
				E	e	M	m
Pelagem Escura	EE						
	Ee						
Pelagem Clara	ee						
Total							
Pelagem com ausência de manchas	MM						
	Mm						
Pelagem com presença de manchas	Mm						
Total							

É relevante destacar que para descrever a constituição genética do grupo populacional de cães, teremos de especificar seus genótipos e dizer quantos eles são de cada tipo (Tabelas 1 a 6). Assim, foi disponibilizado previamente imprimido em papel tamanho A4, as Figura 1 e 2 e as Tabelas 1 a 6, para cada um dos alunos participantes.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A Genética de Populações estuda as diferenças genéticas que ocorrem naturalmente entre os organismos (Tabela 1 a 6). Essas diferenças genéticas comuns que estão ocorrendo entre esses cães da mesma espécie são chamadas polimorfismos genéticos. Assim, o termo divergência genética é utilizado para definir essas diferenças que se acumulam entre espécies





distintas. A Genética de Populações também pode ser definida como o estudo de polimorfismos e divergências.

Nesse contexto, embora cada cão possua dois alelos para cada locus, somente um deles é geralmente expresso, ou seja, o alelo mais dominante será sempre o que se expressará no fenótipo. Os alelos dominantes são geralmente escritos com letra maiúscula, no nosso caso (E) pelagem escura e (M) pelagem com ausência de manchas brancas. Os alelos recessivos são escritos com letra minúscula, no nosso caso (e) pelagem clara e (m) pelagem com presença de manchas brancas.

Um cão com o genótipo (EEMM) tem dois pares de alelos dominantes, e por isso vai exibir o alelo (E) e o alelo (M). Um cão com genótipo (EeMm) também irá expressar os alelos (EM), pois são alelos dominantes sobre (em). A combinação (eemm) é a única classe genotípica onde o cão vai expressar simultaneamente os alelos (em).

A Tabela 1, destaca a constituição das combinações genotípicas que podem ser relacionadas a pelagem do grupo populacional de cães domésticos da mesma espécie (Figura 1). Observou-se um total de nove classes de combinações genotípicas e dessas, quatro combinações genotípicas (EEMM, EeMM, EEMm, EeMm); são associadas a pelagem de cor escura com ausência de manchas brancas (44,4%), duas (EEmm, Eemm) a pelagem escura com presença de manchas brancas (22,2%), duas (eeMM, eeMm) a pelagem clara com ausência de manchas brancas (22,2%) e uma (eemm) a pelagem clara com presença de manchas brancas (11,1%).

Tabela 1. Comparação das ocorrências das classes genotípicas associadas as classes fenotípicas observadas na amostra populacional da Figura 1.





Variabilidade	Fenótipo	Combinações genotípicas possíveis	Total de combinações	%
	Pelagem escura e ausência de manchas	EEMM, EeMM, EEMm, EeMm	04	44,4
	Pelagem escura e presença de manchas	EEmm, Eemm	02	22,2
	Pelagem clara e ausência de manchas	eeMM, eeMm	02	22,2
	Pelagem clara e presença de manchas	eemm	01	11,1
Total			09	99,9

A Tabela 2, destaca as frequências absoluta e relativa referente a cada uma das variedades fenotípicas identificadas no grupo populacional de cães domésticos (Figura 1). Conhecemos como frequência absoluta a quantidade de vezes que um mesmo dado se repetiu no conjunto. De forma bem simples, para encontrar a frequência absoluta de um determinado resultado, basta contar quantas vezes ele se repetiu. Assim, na Figura 1, ao analisar individualmente a população em dados absolutos, verificou-se que ela estava constituída por 50 cães de quatro variações fenotípicas diferentes, sendo, 26 cães de pelagem de cor escura com ausência de manchas brancas (52,0%) de quatro variações genéticas (EEMM, EeMM, EEMm, EeMm); 6 de pelagem escura com presença de manchas brancas (12,0%) de duas variações genéticas (EEmm, Eemm); 16 de pelagem clara com ausência de manchas brancas (32,0%) de

duas variações genéticas (eeMM, eeMm); 2 de pelagem clara com presença de manchas brancas (4,0%) de uma única variação genética (eemm).

Nesse contexto, o aluno ao determinar o número de vezes que cada uma das variedades das pelagens era identificada, estava demonstrando a sua frequência absoluta. A construção da Tabela 2, após a coleta de dados, foi importante para comparar os dados obtidos. Portanto, independentemente do tipo de pesquisa que estamos fazendo, é inevitável calcular a frequência absoluta e relativa.

Tabela 2. Comparação das frequências absolutas e relativas de ocorrência das variedades de classes fenotípicas observadas na amostra populacional da Figura 1.

Variabilidade	Fenótipo		Frequência absoluta	Frequência relativa	%
	Coloração	Mancha branca			
	Escura	Ausente	26	0,52	52,0%
	Escura	Presente	06	0,12	12,0%
	Clara	Ausente	16	0,32	32,0%
	Clara	Presente	02	0,04	4,0%
Total			50	1,00	100,0

Cálculo de frequências gênicas a partir de fenótipos

Para calcular a genética de populações, utiliza-se frequentemente o princípio de Hardy-Weinberg, que fornece um modelo matemático para estudar a evolução genética. Ele baseia-se em algumas premissas, como tamanho infinito da população, ausência de seleção, mutação, migração e acasalamento aleatório. As frequências de genes e genótipos de uma população podem ser calculadas usando fórmulas específicas.

Segundo Griffiths et al. (2006; 2008; 2013); Borges-Osório; Robinson (2013) o modelo de Hardy-Weinberg traz que a reprodução sexual mantém a variação genética constante geração após geração, no qual não há forças evolutivas em ação além das impostas pela própria reprodução.

Assim, o modelo de Hardy-Weinberg é uma ferramenta para verificar se uma população está ou não passando por evolução. Para entender melhor, considere a existência dos dois alelos para o locus que determina a coloração da pelagem escura e clara do grupo populacional de cães domésticos da mesma espécie (Figura 1). O alelo dominante **E** será representado por (p) e o alelo recessivo **e** será representado por (q). A soma da frequência desses dois alelos deve ser igual a 100%, logo: $p + q = 1$

Para essa característica, temos os seguintes genótipos: EE, Ee e ee. Para que um cão seja (EE) é necessário um óvulo (E) e um espermatozoide (E). Sendo assim, a frequência do genótipo (EE) será $p \times p = p^2$. Esse mesmo raciocínio vale para um cão (ee) cuja frequência do genótipo (ee) será $q \times q = q^2$. Por sua vez, o cão heterozigoto (Ee) será resultado da combinação de um espermatoz~~o~~ide (E) e um óvulo (e), ou o contrário. Temos a probabilidade de ocorrência de: $2 \times p \times q = 2pq$.

Temos, portanto, as seguintes frequências de genótipos: $F(EE) = p^2$; $F(Ee) = 2pq$ e $F(ee) = q^2$. Desse modo, é previsto que a soma das frequências alélicas ($p + q$) seja igual a 1, e a soma das frequências genotípicas ($p^2 + 2pq + q^2$) seja também 1, o que indica a viabilidade dos indivíduos que possuem os alelos em estudo.





Nessa população, os cães de pelagem escura heterozigotos (Ee) não podem ser distinguidos dos homozigotos (EE); mas, se os genótipos estiverem nas proporções da Lei de Hardy-Weinberg, não há necessidade de conhecer as frequências dos três tipos de genótipos. Assim, se (e), é o alelo recessivo com frequência igual a q , então, a frequência de homozigotos (ee) é igual a q^2 . Desse modo a frequência gênica será igual à raiz quadrada da frequência do homozigoto recessivo (ee).

Para uma melhor visualização e compreensão do conjunto de dados, foi elaborada a Tabela 3, que permite comparar nas duas situações, o conjunto de dados referentes a distribuição das frequências das classes genotípicas da população considerando todos os cães de pelagem escura (32) e todos os cães de pelagem clara (18) independente da ausência ou presença de manchas brancas.

Assim, descrição da composição genética desse grupo de cães será dada pelo conhecimento de suas frequências genotípicas. Portanto, como a população apresenta 50 cães e 32 são associados aos genótipos ($EE + Ee$), temos 64,0% de cães de pelagem escura, ou 0,64. A frequência relativa de 0,64, corresponde, a $p^2 + 2pq$. Então para se saber quais serão as frequências dos genes alelos ($E = p$) e ($e = q$) temos que calcular a frequência gênica do alelo recessivo. Como sabemos que o alelo recessivo (e) tem frequência igual a (q), e que a frequência de cães de pelagem clara homozigotos recessivos (ee) é igual a (q^2), a frequência gênica (e) será igual à raiz quadrada da frequência do homozigoto recessivo ($ee = q^2$). Como a (Figura 1) apresenta população de 50 cães e desses, 18 são associados a pelagem clara com genótipo homozigoto recessiva (ee), observa-se 36,0% dos cães com a pelagem clara, ou frequência relativa de 0,36. A frequência relativa de 0,36 (ee), corresponde a q^2 ; assim, a raiz quadrada deste valor é igual a $q = 0,6$ (e). Sabemos que $p + q = 1,0$, de modo que, se $q = 0,6$, temos que $p = 1 - 0,6 = 0,4$ (E).

Tendo os valores das frequências gênicas p e q , é fácil calcular a frequência de cães com pelagem escura heterozigotos (Ee) e homozigotos dominantes (EE). Pela Teoria de Hardy-Weinberg, sabemos que a frequência de heterozigotos é igual a $2pq$, então, $2pq = 2 \times 0,4 \times 0,6 = 0,48$ ou 48,0%. Temos, portanto, aproximadamente, 24 cães de pelagem escura com genótipo heterozigoto (Ee). Os cães de pelagem escura homozigoto dominante são os com genótipo (EE). Assim, sabendo que a frequência de cães homozigoto é igual a p^2 , então, $p^2 = (0,4)^2 = 0,16$ ou 16,0%. Temos, portanto, aproximadamente, 8 cães de pelagem escura com genótipo homozigoto dominante (EE).

Tabela 3. Frequências absolutas e relativas de ocorrência das características (Pelagem escura e clara) onde o alelo (E) que determina a pelagem escura é dominante sobre o alelo (e).

Pelagem escura	Numero de cães	Total	F(Pelagem escura)	Genótipo	Frequência genotípica
 + 	26 + 6	32	$32/50 = 0,64$	($EE + Ee$)	$p^2 + 2pq$
Pelagem clara	Numero de cães	Total	F(Pelagem clara)	Genótipo	Frequência genotípica
 + 	16 + 2	18	$18/50 = 0,36$	(ee)	q^2

Na Tabela 4, é considerada a existência de dois alelos para o locus que determina a ausência ou a presença de manchas brancas na pelagem do grupo populacional de cães domésticos (Figura 1). O alelo dominante **M** será representado por (r) e o alelo recessivo **m** será representado por (s). A soma da frequência desses dois alelos deve ser igual a 100%, logo: $r + s = 1$.

Para essa característica, temos os seguintes genótipos: MM, Mm e mm. Para que um cão seja (MM) é necessário um óvulo (M) e um espermatozóide (M). Sendo assim, a frequência do genótipo (MM) será $r \times r = r^2$. Esse mesmo raciocínio vale para um cão (mm) cuja frequência do genótipo (mm) será $s \times s = s^2$. Por sua vez, o cão heterozigoto (Mm) será resultado da combinação de um espermatozóide (M) e um óvulo (m), ou o contrário. Temos a probabilidade de ocorrência de: $2 \times r \times s = 2rs$.

Temos, portanto, as seguintes frequências de genótipos: $F(MM) = r^2$; $F(Mm) = 2rs$ e $F(mm) = s^2$. Desse modo, será previsto que a soma das frequências alélicas ($r + s$) seja igual a 1, e a soma das frequências genotípicas ($r^2 + 2rs + s^2$) seja também 1, o que indica a viabilidade dos indivíduos que possuem os alelos em estudo.





Nessa população, os cães de pelagem com ausência de manchas heterozigotos (Mm) não podem ser distinguidos dos homozigotos (MM); mas, se os genótipos estiverem nas proporções da Lei de Hardy-Weinberg, não há necessidade de conhecer as frequências dos três tipos de genótipos (MM, Mm e mm).

Se (m), é o alelo recessivo com frequência igual a s, então, a frequência de homozigotos (mm) é igual a s^2 . Desse modo a frequência gênica será igual à raiz quadrada da frequência do homozigoto recessivo (mm).

Também na Tabela 4, podem ser observadas as frequências de genótipos para o locus que determina a ausência ou a presença de manchas brancas na pelagem dos cães. Portanto, como a população apresenta 50 cães e 42 são associados aos genótipos (MM + Mm), temos 84,0% de cães com a ausência das manchas brancas, ou 0,84. A frequência relativa de 0,84, corresponde, a $r^2 + 2rs$. Então para se saber quais serão as frequências dos genes alelos ($M = r$) e ($m = s$) temos que calcular a frequência gênica do alelo recessivo (m). Como sabemos que o alelo recessivo (m) tem frequência igual a (s), e que a frequência de cães de pelagem com presença de manchas brancas homozigotos recessivos (mm) é igual a (s^2), a frequência gênica (m) será igual à raiz quadrada da frequência do homozigoto recessivo ($mm = s^2$). Assim, como a Figura 1, apresenta população de 50 cães e desses, 8 são associados a pelagem com presença de manchas brancas e genótipo homozigoto recessivo (mm), observa-se 16,0% dos cães com a presença de manchas brancas na pelagem, ou frequência relativa de 0,16. A frequência relativa de 0,16 (mm), corresponde a s^2 ; assim, a raiz quadrada deste valor é igual a $s = 0,4$ (m). Sabemos que $r + s = 1,0$, de modo que, se $s = 0,4$, temos que $r = 1 - 0,4 = 0,6$ (M).

Tendo os valores das frequências gênicas r e s, é fácil calcular a frequência de cães com ausência de manchas brancas na pelagem heterozigotos (Mm) e homozigotos dominantes (MM). Pela Teoria de Hardy-Weinberg, sabemos que a frequência de heterozigotos é igual a $2rs$, então, $2rs = 2 \times 0,6 \times 0,4 = 0,48$ ou 48,0%. Temos, portanto, aproximadamente, 42 cães de pelagem com ausência de manchas e genótipo heterozigoto (Mm). Os cães com ausência de manchas brancas homozigoto dominante são os com genótipo (MM). Então sabendo que a frequência de cães homozigoto é igual a r^2 , então, $r^2 = (0,6)^2 = 0,36$ ou 36,0%. Temos, portanto, aproximadamente, 18 cães de pelagem com ausência de manchas brancas de genótipo homozigoto dominante (MM).

Tabela 4. Frequências absolutas e relativas de ocorrência das características (Pelagem com ausência ou presença de manchas brancas) onde o alelo (M) que determina a ausência de manchas na pelagem é dominante sobre o alelo (m).

Ausências de manchas	Numero de cães	Total	F(Ausência manchas)	Genótipo	Frequência genotípica
 + 	26 + 16	42	$42/50 = 0,84$	(MM + Mm)	$r^2 + 2rs$
Presença de manchas	Numero de cães	Total	F(Presença manchas)	Genótipo	Frequência genotípica
 + 	6 + 2	8	$8/50 = 0,16$	(mm)	s^2

Cálculo de frequências das classes genotípicas considerando dois loci

A segunda lei de Mendel, também conhecida como lei da segregação independente, estabelece que cada par de alelos segrega-se de maneira independente de outros pares de alelos, durante a formação dos gametas. Ela foi formulada com base em análises da herança de duas ou mais características acompanhadas ao mesmo tempo.

Assim como se realiza, os cálculos das frequências alélicas e genotípicas para um locus, poderemos calcular as frequências quando dois genes independentes estiverem sendo estudados na mesma população, ao mesmo tempo.

No caso do grupo populacional de cães domésticos (Figura 1), se considerarmos os genes (E) com seu alelo (e) e (M) com seu alelo (m), sendo que ($E > e$) e ($M > m$), num indivíduo diploide, então pode-se, matematicamente, dizer que o alelo (E) será chamado de p; que (e) será q; que (M) será r e que (m) será s.

Sendo o genótipo dos cães heterozigotos (EeMm) ele irá produzir os seguintes gametas: (EM); (Em); (eM) e (em) que poderão ser chamados de, respectivamente, (pr); (ps); (qr) e (qs). Desse modo, como queremos caracterizar geneticamente a população (Figura 1), onde foram envolvidos dois pares de genes de distribuição independente, teremos sempre um produto das frequências relativas alélicas estimadas de cada um dos alelos envolvidos.

Na Tabela 5, estão estabelecidas as frequências de ocorrências das classes genotípicas relacionadas aos dois genes independentes estudados na população de cães (Figura 1), ao mesmo tempo, como se segue: EEMM ($p^2 r^2$); EEMm ($2p^2 r s$); EEmm ($p^2 s^2$); EeMM ($2p q r^2$); EeMm ($4p q r s$); Eemm ($2p q s^2$); eeMM ($q^2 r^2$); eeMm ($2q r s$) e eemm ($q^2 s^2$).

Desse modo, sendo esses genes independentes pode-se escrever algebricamente que: ($p^2 + 2pq + q^2$) x ($r^2 + 2rs + s^2$) resultará na expressão genotípica/matemática: $p^2 r^2 + 2p^2 rs + p^2 s^2 + 2pqr^2 + 4pqrs + 2pqs^2 + q^2 r^2 + 2qrs + q^2 s^2 = 1$.





Assim, se estivermos interessados em verificar a frequência de cães com o genótipo EEMM, procederemos do seguinte modo: para o gene E, foi estimada a frequência de $p = 0,4$ e para o gene M a frequência de $r = 0,6$. Assim, considerando os genes em conjunto teremos a frequência de cães serem EE e MM, sendo que esse “e” indica um produto de frequências. Portanto, a frequência esperada do genótipo EEMM deverá ser de $p^2 = 0,4 \times 0,4$ (EE) x $r^2 = 0,6 \times 0,6$ (MM), isto é, $(0,4)^2 \times (0,6)^2 = 0,16 \times 0,36 = 0,0576$ ou 5,76%. O mesmo raciocínio é válido para o indivíduo de genótipo eemm = $q^2 \times s^2$.

Assim, como a Figura 1, apresenta-se constituída por uma população de 50 cães, verifica-se na Tabela 7, as seguintes frequências de classes genotípicas: EEMM (5,76%); EEMm (7,68%); EEmm (2,56%); EeMM (17,28%); EeMm (23,04%); Eemm (7,68%); eeMM (12,96%); eeMm (17,28%) e eemm (5,76%). Portanto, a constituição genética desse grupo

populacional pode estar completamente descrita pela proporção, ou percentagem, de indivíduos pertencentes a cada classe de genótipo; em outras palavras, pelas frequências de ocorrências dos nove tipos de classes de genótipos que **ocorrem** entre os indivíduos. Naturalmente, as frequências somadas de todas as classes de genótipos devem se igualar à unidade (1) ou 100%.

Segundo Amabis & Martho (2010); Griffiths et al. (2013); Borges-Osório; Robinson (2013) o modelo de Hardy-Weinberg traz que a reprodução sexual mantém a variação genética constante geração após geração, no qual não há forças evolutivas em ação além das impostas pela própria reprodução. Assim, o modelo de Hardy-Weinberg prevê que a soma das frequências alélicas ($p + q$) seja igual a 1, e a soma das frequências genotípicas ($p^2 + 2pq + q^2$) seja também 1, o que indica a viabilidade dos indivíduos que possuem os alelos em estudo. Nesse caso, os cães portadores de pelo menos um alelo dominante (E) serão de pelagem escura e se tiverem pelo menos um alelo dominante (M) terão ausência de manchas brancas; se forem homozigotos (ee) serão de pelagem clara e (mm) terão a presença de manchas brancas.

Tabela 5. Comparação da ocorrência das classes fenotípicas relacionadas as variações de classes genotípicas.

Variabilidade	Fenótipo	Genótipos	Calculo da Frequência das Classes Genotípica (Probabilidade)	Classes Genotípicas (%)
	Pelagem escura e ausência de manchas	EEMM	$p^2 r^2 = (0,4)^2 \cdot (0,6)^2 = 0,16 \cdot 0,36 = 0,0576$	5,76% EEMM
		EEMm	$p^2 2rs = (0,4)^2 \cdot 2(0,6 \cdot 0,4) = 0,16 \cdot 0,48 = 0,0768$	7,68% EEMm
		EeMM	$2pq r^2 = 2(0,4 \cdot 0,6) \cdot (0,6)^2 = 0,48 \cdot 0,36 = 0,1728$	17,28% EeMM
		EeMm	$2pq 2rs = 2(0,4 \cdot 0,6) \cdot 2(0,6 \cdot 0,4) = 0,48 \cdot 0,48 = 0,2304$	23,04% EeMm
	Pelagem escura e presença de manchas	EEmm	$p^2 s^2 = (0,4)^2 \cdot (0,4)^2 = 0,16 \cdot 0,16 = 0,0256$	2,56% EEmm
		Eemm	$2pq s^2 = 2(0,4 \cdot 0,6) \cdot (0,4)^2 = 0,48 \cdot 0,16 = 0,0768$	7,68% Eemm
	Pelagem clara e ausência de manchas	eeMM	$q^2 r^2 = (0,6)^2 \cdot (0,6)^2 = 0,36 \cdot 0,36 = 0,1296$	12,96% eeMM
		eeMm	$q^2 2rs = (0,6)^2 \cdot 2(0,6 \cdot 0,4) = 0,36 \cdot 0,48 = 0,1728$	17,28% eeMm
	Pelagem clara e presença de manchas	eemm	$q^2 s^2 = (0,6)^2 \cdot (0,4)^2 = 0,36 \cdot 0,16 = 0,0576$	5,76% eemm

É importante ressaltar que, em se tratando de uma população genética, a preocupação não é só com sua constituição genética, mas também com a transmissão dos genes (E, e, M, m) de uma geração para outra. No processo de transmissão de genes, os genótipos dos ascendentes são separados para a formação dos gametas e **estes** transmitirão os alelos de cada um dos loci para uma nova composição nos descendentes. Assim, a constituição genética dessa população com respeito aos genes (E, e, M, m) que ela possui foi descrita pela frequência gênica (p, q, r, s), que nada mais é que a descrição de quais são os alelos presentes em cada um dos loci e suas proporções.

Portanto, considerando-se (e) e (m) como sendo um alelo, respectivamente, dos loci (E) e (M), a frequência do gene (e) ou (m) é a proporção, ou a percentagem de todos os genes, destes loci, que são (e) ou (m). Neste caso, a frequência de todos os alelos em qualquer loco perfaz a unidade ou 100%.

O Teorema de Hardy-Weinberg (1908), explica a dinâmica dos genes na população e propõe que em uma população infinitamente grande sob acasalamento ao acaso, na ausência de migração, mutação e seleção, as frequências gênicas e genotípicas permanecem constantes na população de uma geração para outra. Logo, as frequências gênicas podem ser determinadas a partir das frequências genotípicas.

Na Tabela 6, estão organizados os dados apresentando informações quanto aos genes alelos, classes fenotípicas e classes genotípicas que são possíveis de observar na Figura 1. Também são apresentados os dados com informações das frequências das combinações de genótipos e, a partir dessas ocorrências, estimativas do número de cães correspondente a cada uma dessas classes e também as **estimativas** do número de genes alelos que estão sendo projetados pela variabilidade fenotípica associada a cor da pelagem (EE, Ee, ee) e ausência ou presença de manchas brancas (MM, Mm, mm) dentro da população (Figura 1). Cada cão tem dois alelos para cada gene, sendo um em cada cromossomo. Se os dois alelos são idênticos, eles são chamados de homozigotos. Nesse caso os dois alelos irão indicar uma mesma característica, como a pelagem de cor clara (ee) ou a pelagem com presença de manchas (mm). Mas se os alelos são diferentes, um indicando pelagem escura (E) e outro indicando pelagem clara (e) ou um indicando a pelagem com ausência de manchas (M) e outro indicando a presença de manchas (m), eles são chamados de heterozigotos (Ee; Mm). Nesse caso de heterozigotos (Ee; Mm), o indivíduo vai manifestar características de pelagem escura com ausência de manchas.

Quando queremos caracterizar geneticamente uma população, dois atributos são importantes: as suas frequências alélicas e o seu reservatório genético (pool gênico).

Portanto, se estivermos interessados em caracterizar geneticamente o número estimado dos genes (E, e, M, m) pertencentes a população de cães (Figura1), dois atributos são importantes: as suas frequências alélicas e o seu reservatório genético (pool gênico).

A frequência alélica é a proporção de cada um dos diferentes alelos nessa população. E para obtermos essas proporções, devemos contar o número total de cães com cada genótipo na população e calcular ou, estimar a frequência relativa dos alelos envolvidos.

Assim, quando considerando os alelos (E) e (e) dentro dessa população, os cães foram estimados com a seguinte distribuição de genótipos: 8 (EE), 24 (Ee) e 18 (ee). E neste caso, pelo total da amostragem/total de cães com cada genótipo, o gene que permite a transmissão da informação genética pelagem de cor escura (E) foi estimado com um reservatório de 40 genes (E), sendo 16 genes do genótipo homozigoto (EE) mais 24 do genótipo heterozigoto (Ee).

Para o gene que permite a transmissão da informação genética pelagem de cor clara (e) foi estimado com um reservatório de 60 genes (e), sendo 36 genes do genótipo homozigoto (ee) mais 24 do genótipo heterozigoto (Ee).

Considerando os alelos (M) e (m) dentro dessa população, os cães foram estimados com a seguinte distribuição de genótipos: 18 (MM), 24 (Mm) e 8 (mm). E neste caso, pelo total da amostragem/total de cães com cada genótipo, o gene que permite a transmissão da informação genética pelagem com ausência de manchas brancas (M) foi estimado com reservatório de 60 genes (M), sendo 36 genes do genótipo homozigoto (MM) mais 24 do genótipo heterozigoto (Mm).

Para o gene que permite a transmissão da informação genética pelagem com ausência de manchas brancas (m) foi estimado com reservatório de 40 genes (m), sendo 16 genes do genótipo homozigoto (mm) mais 24 do genótipo heterozigoto (Mm).

Tabela 6. Comparação da ocorrência das classes fenotípicas associadas a estimativas do número de alelos E, e, M, m.

Fenótipo	Genótipos	Frequência Relativa	Numero de cães estimados	Numero de alelos estimados			
				E	e	M	m
Pelagem Escura	$EE = p^2$	0,16	8	16	0	0	0
	$Ee = 2pq$	0,48	24	24	24	0	0
Pelagem Clara	$ee = q^2$	0,36	18	0	36	0	0
Total		1,00	50	40	60	0	0
Pelagem com ausência de manchas	$MM = r^2$	0,36	18	0	0	36	0
	$Mm = 2rs$	0,48	24	0	0	24	24
Pelagem com presença de manchas	$Mm = s^2$	0,16	8	0	0	0	16
Total		1,00	50	0	0	60	40

Ao analisar o resultado da proposta didática (Figura 1), percebeu-se que os estudantes se tornaram protagonistas do processo de ensino e aprendizagem. Ao coletarem os dados (Tabelas 1 a 6), acessaram e valorizaram conhecimentos do cotidiano, apresentaram aumento na capacidade de registrar informações de forma diferenciada, de argumentar e de analisar dados, obtendo dessa maneira ganhos pessoais e cognitivos.

O modelo didático desenvolvido neste trabalho proporcionou aos estudantes de Licenciatura em Ciências Biológicas, mais uma ferramenta metodológica para reprodução, a ser usado durante as aulas de Genética de Populações na parte em que aborda assuntos relacionados a variabilidade genética das espécies, evidenciando o estudo da frequência dos alelos que compõem os diferentes genótipos compartilhados por um grupo populacional hipotético de cães considerando dois loci, tendo como exemplificação a transmissão do caráter cor do pelo e da presença ou não de manchas brancas ao longo do corpo do animal (Figura 1). Para isso houve a preocupação de se utilizar materiais de fácil aquisição e de baixo custo, além de ser de fácil construção para aplicação. Portanto, como descrito por Guimarães & Ferreira (2006); Justina & Ferla (2006); Cavalcante & Silva (2008); Temp & Bartholomei-Santos (2014; 2018); Medeiros et al. (2021) este tipo de recurso de ensino é considerado uma ferramenta valiosa de aprendizagem, tornando a aula mais diversificada, dinâmica e atrativa, ao mesmo tempo em que auxiliam o professor na execução de diferentes conteúdos em suas aulas.

Assim é importante o uso de ferramentas metodológicas que permitam um ensino mais adequado e que seja capaz de chamar a atenção dos alunos e promover uma participação ativa na construção do saber (VYGOTSKY, 2003; MARCONI & LAKATOS, 2003; SETÚVAL & BEJARANO, 2009; AMABIS & MARTHO, 2010; GIL, 2010; ANTUNES & SABÓIA-MORAIS, 2010; AINSWORTH, PRAIN & TYTLER 2011; SOUZA et al., 2013; TEMP 2011; 2014; MADUREIRA et al. (2016); MORAIS & MARQUES, 2017; PAIXÃO et al., 2018; PEREIRA, 2019; LUZ et al., 2019; LIMA et al., 2020; MEDEIROS, ALVES e KIMURA (2023; 2024).

Vários estudos que avaliam a utilização de modelos representativos já foram realizados no ensino fundamental, médio e superior. Além dos estudos que buscavam aumentar o interesse e aprendizado dos alunos, também existem trabalhos que tiveram como objetivo construir modelos alternativos para auxiliar o professor que aceitasse utilizá-lo em sala de aulas. Outros estudos visaram trabalhar a construção/utilização de modelos com os estudantes da licenciatura em biologia, de tal forma que estes futuros professores possam utilizá-los como material

didático quando se formarem. Dentre os estudos em que estão ilustrados os modelos representativos em sala de aula Matos et al. (2009); Orlando et al. (2009); Mendonça & Santos (2011); Souza & Faria (2011); Temp (2011); Duso (2012); Krause (2012); Madureira (2012); Oliveira et al. (2012); Duso et al. (2013); Ferreira et al. (2013); Reis et al. (2013); Olmo et al. (2014); Vinholi Júnior & Princival (2014); Medeiros et al. (2021); Medeiros, Alves e Kimura (2023; 2024) relataram de forma geral, o envolvimento dos alunos do início ao fim da atividade; maior facilidade na reflexão do conteúdo; a promoção de um aprendizado significativo em relação a conceitos em que os alunos possuíam muita dificuldade em assimilar; curiosidade, entusiasmo, interesse, interação e maior facilidade no desenvolvimento de competências e habilidades por parte dos discentes; desenvolvimento da criatividade e do espírito de equipe entre os alunos.

Portanto, através desta proposta metodológica observamos que os licenciandos desenvolveram uma postura mais científica. Ao coletarem os dados (Figura 1 e Tabelas 1 a 6), acessaram e valorizaram conhecimentos do cotidiano, capacidade de registrar informações de forma diferenciada, de argumentar e de analisar dados, obtendo dessa maneira ganhos pessoais e cognitivos. Assim, como enfatizou Bachelard (1996) a ciência se constitui com eficácia educadora, quando o seu ensino é socialmente ativo. Ao analisar o resultado da proposta didática (Figura 1 e Tabelas 1 a 6), percebeu-se que os estudantes se tornaram protagonistas do processo de ensino e aprendizagem.

Segundo Mendonça & Santos (2011) os modelos didáticos além dar a competência necessária aos alunos de criar e recriar, permitem 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, no qual facilita a criação dos modelos. Os benefícios da utilização desta metodologia são amplamente reconhecidos e diversos autores apontam a contribuição desses modelos na facilitação do aprendizado (GARDNER, 1995; WATERMAN, 1998; MIRANDA, 2001; BLUMKE, 2002; DOLZ; BRITO et al., 2005; OLIVEIRA, 2005; BASSANEZI, 2006; BARBOSA, 2008; PEDROSO, 2009; MELO, 2010; MENDONÇA & SANTOS, 2011; DUSO, 2012; GUILHERME et al., 2012; HERMANN & ARAÚJO, 2013; CALDERANO et al., 2014; KLAUBERG, 2015; LIMA & CAMAROTTI, 2015; PEREIRA et al., 2015; BATISTA; OLIVEIRA; RODRIGUES, 2016; MEDEIROS et al., 2021 e 2022; MEDEIROS, ALVES E KIMURA, 2022). 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.

CONCLUSÕES

Conclui-se que são vários os benefícios alcançados pela utilização do modelo didático proposto, ilustrando um caso de prática investigativa de duas variedades independentes de cores da pelagem de um grupo de cães domésticos em nível populacional, características que foram usadas para determinar a frequência de cada alelo no grupo populacional.

Além da frequência de heterozigotos e de homozigotos, pode-se constatar durante a experiência em sala de aula, um aumento significativo de conhecimento ao longo da atividade, mostrando a propriedade do modelo didático de motivar os alunos ao trabalhar com os próprios dados coletados e ao encontrarem uma maneira de manipular esses dados para prever numericamente as frequências gênicas ou alélicas, identificando que as ocorrências dos quatro fenótipos diferentes de pelagem, originaram-se da existência de dois pares de alelos distintos de dois *locus*, estando na dependência de nove combinações de genótipos distintos.

Cabe também destacar que o emprego dessa metodologia promoveu um estudo interdisciplinar entre a biologia e a matemática, podendo contribuir para o desenvolvimento pessoal e cognitivo do aluno, visto que eles precisam pensar, raciocinar, interpretar e, ao final da investigação, relatar os resultados encontrados. Assim, acredita-se estar contribuindo para o aprendizado dos alunos e com a disseminação da interdisciplinaridade.

Notou-se que os alunos gostaram da experiência e que conseguiram aprender e compreender os conceitos que envolvem o princípio de Hardy-Weinberg e as leis de Mendel, como também suas aplicações na transmissão de informações genéticas, além de reforçar o conteúdo da origem da variabilidade genética das espécies. Assim, o uso do modelo proposto se mostrou eficiente para trabalhar conceitos e relações dentro do conteúdo de genética de populações.

Assim, espera-se que atividades com esse tipo de metodologia sejam mais abordadas e praticadas, de forma que torne o ensino de genética de populações mais motivador e dinâmico, atraindo ainda mais a curiosidade dos alunos e os tornando mais presentes nas salas de aula.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AINSWORTH, S.; PRAIN, V.; TYTLER, R. Drawing to Learn. *Science Education*, v. 333, n. 26, p. 1096-1097, 2011.
- AMABIS, J. M.; MARTHO, G. R. *Biologia: Biologia das Populações*. v. 3. São Paulo. Moderna, 2010.
- ANTUNES, A.M.; SABÓIA-MORAIS, S.M.T. O jogo Educação e Saúde: uma proposta de mediação pedagógica no ensino de Ciências. *Experiências em Ensino de Ciências*, v.5, n.2, p. 55-70, 2010.
- BACHELARD, G. A. *Formação do espírito científico: contribuição para uma psicanálise do conhecimento*, Rio de Janeiro: Contraponto, 1996.
- BARBOSA, M.V. Oficinas práticas de genética molecular para estudantes do ensino fundamental e médio no município de Garanhuns. In 54º Congresso Brasileiro de Genética, p.2 Salvador, 2008.
- BASSANEZI, R. C. *Ensino-aprendizagem com modelagem Matemática: uma nova estratégia*. 3. ed. São Paulo: Contexto, 2006.
- BATISTA, R. C; OLIVEIRA, J. E.; RODRIGUES, S. F. P. **Sequência Didática–Ponderações Teórico-Metodológicas**. Didática e Prática de Ensino no contexto político contemporâneo: cenas da Educação Brasileira. XVIII ENDIPE. 2016.
- BEIGUELMAN, B. A *Interpretação Genética da Variabilidade Humana*. Ribeirão Preto, SP: Editora SBG (Sociedade Brasileira de Genética), 2008. 152 p.
- BLUMKE, R. A. A experimentação no ensino de física. Universidade Regional do Noroeste do Estado do Rio Grande do Sul. Departamento de Física, Estatística e Matemática. Ijuí. (2002).
- BORGES-OSÓRIO, M. R.; ROBINSON, W. M. *Genética humana*. 3. ed. Porto Alegre: Artes Médicas, 2013. viii, 775p.
- BRASIL. Conselho Nacional de Educação. Lei n. 9.394 de 20 de dezembro de 1996. Estabelece as Diretrizes e Bases da Educação Nacional. *Diário Oficial da República Federativa do Brasil*. Brasília, DF, 23 dez. 1996.
- BRASIL. Secretaria de Educação Fundamental. *Parâmetros Curriculares Nacionais: Ciências Naturais*. Secretaria de Educação Fundamental. Brasília: MEC/SEF, 1997.
- BRASIL. Secretaria de Educação Média e Tecnológica. *Parâmetros curriculares nacionais: Ensino Médio*. Brasília: MEC/SEM, 1999.
- BRASIL, Secretaria da Educação Básica. *Guia de Livros didáticos: Programa Nacional do Livro Didático (PNLD)*. Brasília: MEC/SEF, 2008.
- BRASIL, Secretaria da Educação Média e Tecnológica. *Diretrizes curriculares para o Ensino Médio*. Brasília: MEC/SEM, 2013.

BRASIL. Secretaria de Educação Básica. Formação de professores do ensino médio: áreas de conhecimento e integração curricular. Curitiba UFPR/Setor de Educação, 2013.

BRASIL, Secretaria da Educação Básica. Formação de professores do ensino médio: Ciências da Natureza. Curitiba UFPR/Setor de Educação, 2014.

BRITO, S. R.; SANTOS, T. L. T.; SILVA, A. S.; COSTA, K. E.; FAVERO, E. L. Apoio Automatizado à mediação da aprendizagem baseada em experimentos. *Renote*. 3, 2, novembro, 2005.

BUTLER, J. R. A.; DU TOIT, J.T. & BINGHAM, J. Free-ranging domestic dogs (*Canis familiaris*) as predators and prey in rural Zimbabwe: threats of competition and disease to large wild carnivores. *Biological conservation*, 115(3): 369-378. 2004.

CALDERANO, C. M. et al. Confecção e utilização de modelos didáticos como ferramenta para o ensino de citologia. In: II CONGRESSO NACIONAL DE FORMAÇÃO DE PROFESSORES E XII CONGRESSO ESTADUAL PAULISTA SOBRE FORMAÇÃO DE EDUCADORES, 2., 12., 2014, Águas de Lindóia. **Anais...** São Paulo, 2014. p. 10543-10553.

CAMPOS, C. B.; ESTEVES, C. F.; FERRAZ, K. M. P. M. B.; CRAWSHAW Jr., P. G. & VERDADE, L. M. Diet of free-ranging cats and dogs in a suburban and rural environment, south-eastern Brazil. *Journal of Zoology*, 273(1): 14-20. 2007.

CAVALCANTE, D. D. & SILVA, A. de F. A. de. **Modelos didáticos e professores: concepções de ensino-aprendizagem e experimentações**. In: XIV Encontro Nacional de Ensino de Química, Curitiba, UFPR, Julho de 2008.

DELLA, L. A. J.; FERLA, M. R. A utilização de modelos didáticos no ensino de genética-exemplo de representação de compactação do DNA eucarioto. *Arquivos do Museu Dinâmico Interdisciplinar*, v. 10, n. 2, p. 35-40, 2013.

DUSO, L. O uso de modelos no ensino de biologia. Encontro Nacional de Didática e Práticas de Ensino, v. 16, p. 432-441, 2012. UNICAMP - Campinas – 2012.

FERREIRA, J. P.; LEITAO, I.; SANTOS-REIS, M. & REVILLA, E. Human-related factors regulate the spatial ecology of domestic cats in sensitive areas for conservation. *PLoS ONE* 6(10): e25970. doi:10.1371/journal. 2011.

GARDNER, H. Inteligências Múltiplas: a teoria na prática. POA: Artes Médicas. (1995).

GIL, A. C. Métodos e técnicas de pesquisa social. São Paulo, Editora Atlas, Sétima edição. 2010.

GRIFFITHS, A. J. F.; WESSLER, S. R.; LEWONTIN, R. C.; CARROLL, S. B.; DOEBLEY, J. Introdução a genética. 10a edição. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2013.

GUILHERME, B. C. et al. Análise de propostas de ensino de genética através do uso de modelos didáticos. In: VI CÓLOQUIO INTERNACIONAL EDUCAÇÃO E CONTEMPORANEIDADE, 6., 2012, São Cristóvão. **Anais...** Sergipe: UFS, 2012.

GUIMARÃES, P. O.; OTTO, P. A.; FROTA-PESSOA, P. Genética Humana e Clínica. São Paulo: Roca, 1998. 333 p.

FERREIRA, J. C.; ALMEIDA, S. A. O pensar e o fazer modelos didáticos por alunos de licenciatura em Biologia. Atas do IX Encontro Nacional de Pesquisa em Educação em Ciências – IX ENPEC, p. 1-8, 2013.

HARDY G. H. Mendelian proportions in a mixed population. Science 28:49-50. 1908.

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.

HUGHES, J. & MACDONALD, D.W. A review of the interactions between free-roaming domestic dogs and wildlife. Biological Conservation 157: 341-351. 2013.

JUSTINA, L. A. D.; RIPPEL, J. L. Ensino de Genética: representações da ciência da hereditariedade no nível médio. In IV Encontro Nacional de Pesquisa em Educação em Ciências. 2003.

JUSTINA, L. A. D.; FERLA, M. R. A utilização de modelos didáticos no ensino de Genética – Exemplo de representação de compactação do DNA eucarioto. Arq. Mudi. v. 10, n. 2, p. 35 - 40, 2006.

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.

KRAUSE, F. C. Modelos Tridimensionais em Biologia e Aprendizagem Significativa na Educação de Jovens e Adultos (EJA) no Ensino Médio. 186 f. Dissertação (Mestrado em Educação) – Universidade de Brasília, Faculdade de Educação, Brasília, DF, 2012.

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.

LIMA, M. M. O. et al. Practical Biology activities: an investigative teaching sequence about the cell cycle. Research, Society and Development, 9(9), 1-22. (2020).

LUZ, J. R. D. et al. O uso de desenhos no estilo mangá como Ferramenta didático-pedagógica para o Ensino de bioquímica. 2019. In: MONTEIRO, S. A. S. Pensando as licenciaturas. Atena Editora: Ponta Grossa, PR, 2019.

MADUREIRA, H. C. et al. O uso de modelagens representativas como estratégia didática no ensino da biologia molecular: entendendo a transcrição do DNA. Revista Científica Interdisciplinar. V. 3, n. 1, p. 17-25, jan/mar. 2016.

MARCONI, M. A.; LAKATOS, E. M. Fundamentos de metodologia científica. 5. ed. São Paulo: Atlas, 2003.

MATOS, C. H. C.; OLIVEIRA, C. R. F.; SANTOS, M. P. F. e FERRAZ, C. S. Utilização de Modelos Didáticos no Ensino de Entomologia. Revista de Biologia e Ciências da Terra, v. 9, n. 1, 2009.

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 - pág. 33 – 52.

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T. Aplicação de modelo didático para identificação genética do sexo em tucanos com a utilização de enzima de restrição na análise de sequenciamento de DNA. Revista Biodiversidade - v.22, n.2, 2023 - pág. 80 – 94.

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T. 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. Revista Biodiversidade - v.22, n.4, 2023 - pág. 65 – 86.

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T. Aplicação de modelo didático simulando uma análise de DNA para Investigação da ocorrência da anemia falciforme em um grupo familiar. Revista Biodiversidade - v.23, n.1, 2024 - pág. 63 – 86.

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T. Imagens de autorradiografias dos géis de agarose simulando diagnósticos clínico-moleculares que podem ser aplicados em forma de um modelo didático para contextualizar a influência genética nos fenótipos da visão. Revista Biodiversidade - v.23, n.2, 2024 - pág. 138 – 157.

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T. Aplicação de uma representação gráfica simulando um heredograma com recorrência da alopecia genética para entendimento da herança autossômica influenciada pelo sexo. Revista Biodiversidade - v.23, n.3, 2024 - pág. 119 – 145.

MELO, J. F. R. **Desenvolvimento de atividades práticas experimentais no ensino de biologia:** um estudo de caso. Brasília: UnB, 2010. 75f. Dissertação (Mestrado em ensino de Ciências), 2010.

MENDONÇA, C. O.; SANTOS, M. W. O. Modelos didáticos para o ensino de Ciências e Biologia: aparelho reprodutor feminino da fecundação à nidação. Anais do V Colóquio Internacional "Educação e Contemporaneidade", v. 5, p. 1-11, 2011.

MIRANDA, S. No fascínio do jogo, a alegria de aprender. Ciência Hoje, 28, 168, 64-66. (2001).

MORAIS G. H.; MARQUES, R. C. P. A IMPORTÂNCIA DO USO DE MODELOS DIDÁTICOS NO ENSINO DE CITOLOGIA IV CONEDU, João Pessoa, 2017.

NASCIMENTO JÚNIOR, A. F.; SOUZA, D. C. A Confecção e Apresentação de Material Didático-Pedagógico na Formação de Professores de Biologia: O que diz a Produção Escrita? VII Encontro Nacional de pesquisa em Educação em Ciências. Florianópolis, 2009.

OLIVEIRA, M. S.; KERBAUY, M. N.; FERREIRA, C. N. M; SCHIAVÃO, L. J. V; ANDRADE, R. F. A; SPADELLAI, M. A. Uso de material didático sobre Embriologia do Sistema Nervoso: Avaliação dos Estudantes. Revista Brasileira de Educação Médica, v. 36, n. 1, p. 83-92, 2012.

OLMO, F. J. V.; MARINATO, C. S.; GADIOLI, A. O.; SILVA, R. V. Construção de modelo didático para o ensino de biologia: meiose e variabilidade genética. Enciclopédia Biosfera, Goiânia, v. 10, nº 18, 2014.

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. 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.

PAIXÃO. B. S.; ABREU D. L; SILVA J. A.; SOUSA L. O.; JUNIOR, J. M. L. S.; OLIVEIRA, C. G. Utilização de modelos didáticos como facilitador no ensino de biologia celular Revista de Extensão da UNIVASF, Petrolina, v. 6, n. 1, p. 124-127, 2018.

PEDROSO, C. V. **Jogos didáticos no ensino de biologia: uma proposta metodológica baseada em módulo didático**. In: Congresso Nacional de Educação- EDUCERE e III Encontro Sul Brasileiro de Psicopedagogia- PUCRS, 9. Curitiba, 2009. In: Anais do IX 81 Congresso Nacional de Educação- EDUCERE e III Encontro Sul Brasileiro de Psicopedagogia PUCRS. Curitiba, 2009.

PEREIRA, M. S. et al. Avaliação dos modelos didáticos no ensino de ciências da escola municipal Casimiro Gomes – Coronel Ezequiel/RN. In: CONGRESSO NACIONAL DE EDUCAÇÃO, 2., Campina Grande, 2015. **Anais...** Paraíba: CONEDU, 2015.

PEREIRA, F. P. O ensino de genética na educação básica: Revisão Bibliográfica e Produção de Modelos Didáticos. 2019. 55p. Trabalho de Conclusão de Mestrado (Mestrado em Ensino de Biologia) – Universidade Estadual do Piauí. Teresina.

OLIVEIRA, S. S. Concepções alternativas e ensino de biologia: como utilizar estratégias diferenciadas na formação inicial de licenciados. **Educar em Revista**, v. 1, n. 26, p. 01-18, 2005.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS J.B.; PINTO, C.A.B.P. Genética na agropecuária. Lavras: Ed. UFLA. 2008. p.464.

SAVOLAINEN P.; ZHANG Y.; LUO J.; LUNDEBERG J. & LEITNER T. Genetic evidence for an East Asian origin of domestic dogs. *Science*. 298: 1610-1613. 2002.

SETÚVAL, F. A. R.; BEJARANO, N. R. R. Modelos didáticos com conteúdo de genética e a sua importância na formação inicial de professores para o ensino de ciências e biologia. In: Encontro Nacional de pesquisa em Educação em Ciências, 7, 2009, Florianópolis. **Anais...** Florianópolis: ABRAPEC, 2009.

SOUZA, P. F.; FARIA, J. C. N. M. A. Construção e avaliação de modelos didáticos para o ensino de ciências morfológicas - uma proposta inclusiva e interativa. *Enciclopédia Biosfera*, v.7, n.13, p.1550- 1561, 2011.

SOUSA, T. A.; SPÓSITO, R. C. A.; MARISCO, G. A importância de aulas experimentais no entendimento da genética: sistema sanguíneo ABO e fator RH. In: 4 EREBIONE, 2013, UFRN. **Anais...** Rio Grande do Norte, 2013.

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

TEMP, D. S. Genética e suas aplicações: identificando o tema em diferentes contextos educacionais. 2014, 165 p. Tese (Doutorado em Educação em Ciências-Química da Vida e Saúde) Universidade Federal de Santa Maria, RS, 2014.

TEMP, D. S; BARTHOLOMEI-SANTOS M. L. Genética e suas aplicações: identificando o conhecimento presente entre concluintes do ensino médio. *Ciência e Natura*, v. 36, n. 2, p. 358 –372. 2014.

TEMP, D. S.; BARTHOLOMEI-SANTOS, M. L. O ensino de Genética: a visão de professores de Biologia. Revista Científica Schola, v. 2, n. 1, p. 83-95, 2018.

VINHOLI JÚNIOR, A. J.; PRINCIVAL, G. C. Modelos Didáticos e Mapas Conceituais: Biologia Celular e as Interfaces com a Informática Em Cursos Técnicos do IFMS. HOLOS. Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Mato Grosso do Sul, Ano 30, v. 2, p. 110-122, 2014.

VYGOTSKY, L.S. Psicologia pedagógica. Porto Alegre: Artmed, p.576, 2003.

WATERMAN, M.A. (2001). Caso investigativo como estratégia de estudo para a aprendizagem de Biologia. Julho, 2001.

WEINBERG W. U"ber den Nachweis der Vererbung beim Menschen. Jh. Ver. vaterl. Naturk. Wu"rttemb. 64:369–382. 1908.