

APLICAÇÃO DE UM MODELO DIDÁTICO QUE REPRODUZ A ANÁLISE DO DNA PARA AVALIAR A VARIAÇÃO GENÉTICA RESPONSÁVEL PELAS CORES DAS PLUMAS NA POPULAÇÃO DE POMBOS (*Columba livia*)

Mauro Osvaldo Medeiros¹

Sueli Maria Alves¹

Marcelo Teiji Kimura²

RESUMO: Um dos principais obstáculos que os professores de biologia enfrentam é a dificuldade em conectar os conteúdos abordados a temas que despertem o interesse dos estudantes. Este trabalho visa, portanto, ampliar a explicação de como é transmitida a informação das cores da plumagem em pombos urbanos, utilizando o processo de sequenciamento do DNA e as características genéticas associadas aos cromossomos sexuais, como um modelo prático para integrar alguns conceitos da genética clássica e revelar de forma prática a interdisciplinaridade entre genética, biologia molecular e matemática, já que este tema desperta interesse entre os alunos. Para isso, foi utilizado a enzima de restrição TaqI *Thermus aquaticus* que é capaz de reconhecer unidades de repetições TCGA ou AGCT ao longo da sequência de nucleotídeos, permitindo a identificação simbólica dos genes CHD – Z e CHD – W. Conclui-se que o uso do modelo proposto se mostrou uma metodologia eficiente para trabalhar conceitos e relações dentro do conteúdo de genética. E além da caracterização dos cromossomos sexuais ZW, reconheceram que os genes que condicionavam as três variedades de cores da plumagem, estavam localizados no cromossomo Z e ocupavam uma mesma posição. Também, foi observado que os alunos gostaram da experiência e que conseguiram aprender e compreender de maneira prática a interdisciplinaridade de conceitos que envolveu a herança ligada ao sexo das aves, como também suas aplicações na transmissão de informações genéticas.

Palavras-chave: Recursos Didáticos. Ensino por investigação. Cromossomos ZW. Alelo. Frequência.

APPLICATION OF A DIDACTIC MODEL THAT REPRODUCES DNA ANALYSIS TO EVALUATE THE GENETIC VARIATION RESPONSIBLE FOR FEATHER COLORS IN THE PIGEON POPULATION (*Columba livia*)

ABSTRACT: One of the main obstacles that biology teachers face is the difficulty in connecting the content covered to topics that arouse students' interest. This work aims, therefore, to expand the explanation of how plumage color information is transmitted in urban pigeons, using the DNA sequencing process and the genetic characteristics associated with sexual chromosomes, as a practical model to integrate some concepts of classical genetics and reveal in a practical way the interdisciplinarity between genetics, molecular biology and mathematics, as this topic arouses interest among students. For this, the restriction enzyme TaqI *Thermus aquaticus* was used, which is capable of recognizing TCGA or AGCT repeat units throughout the nucleotide sequence, allowing the symbolic identification of the CHD – Z and CHD – W genes. It is concluded that the use of the proposed model proved to be an efficient methodology for working on concepts and relationships within the genetics content. And in addition to characterizing the ZW sex chromosomes, they recognized that the genes that condition the three varieties of plumage color were located on the Z chromosome and occupied the same position. It was also observed that the students enjoyed the experience and that they were able to learn and understand in a practical way the interdisciplinary concepts that involved the inheritance linked to the sex of birds, as well as their applications in the transmission of genetic information.

Keywords: Teaching Resources. Teaching by investigation. ZW chromosomes. Allele. Frequency.

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,

INTRODUÇÃO

Um dos principais obstáculos que os professores de biologia enfrentam é a dificuldade em conectar os conteúdos abordados a temas que despertem o interesse dos estudantes. As transformações e inovações no âmbito social e tecnológico exigem que os professores de biologia constantemente renovem suas abordagens de ensino. Segundo Luz et al. (2019), a adoção de novas metodologias estimula a criatividade e favorece a assimilação de novos conhecimentos, os quais podem ser complementados pelo prazer que os alunos sentem ao aprender. Esses fatores demonstram que, para um aprendizado efetivo, é fundamental que haja um comprometimento e motivação tanto por parte dos docentes quanto, especialmente, dos discentes.

Os modelos didáticos possibilitam um exame quantitativo dos fenômenos, a formulação de previsões e uma abordagem para testar hipóteses. Conforme afirmam Cavalcante e Silva (2008), esses modelos oferecem a chance de realizar experimentos, permitindo que os alunos conectem a teoria à prática, o que facilita a compreensão dos conceitos e o aprimoramento de habilidades e competências. Assim, diversos autores Bassanezi (2006); Barbosa (2008); Pedrosso (2009); (Melo (2010); Mendonça & Santos (2011); Duso (2012); Guilherme et al. (2012); Hermann & Araújo (2013); Klauberg (2015); Lima & Camarotti (2015); Pereira et al. (2015); Batista; Oliveira; Rodrigues (2016) Medeiros et al. (2021 e 2022); Medeiros, Alves e Kimura (2023 e 2024) relataram a utilização de modelos didáticos representativos para facilitação do aprendizado.

Para lidar com esse desafio, é possível utilizar uma variedade de ferramentas que tornam mais acessível a compreensão de temas como o sequenciamento do genoma humano, o qual transformou a pesquisa científica e ampliou nosso entendimento sobre a biologia molecular. Esse processo atualiza e esclarece informações cruciais, incluindo pequenas variações genéticas presentes nas sequências de DNA entre diferentes populações de animais ou plantas. Essas variações podem ter ou não impacto no fenótipo e, em alguns casos, podem estar diretamente associadas a certas doenças.

O progresso dos estudos genéticos ao longo dos anos levou a várias descobertas que tiveram e continuam tendo um impacto significativo na humanidade. Podemos destacar entre essas descobertas de grande relevância social a compreensão da transferência de características genéticas dos progenitores para os descendentes e o teste de paternidade/maternidade como exemplos. Estes tópicos costumam atrair o interesse e a curiosidade dos estudantes por estarem frequentemente ligados aos temas divulgados pela mídia.

As técnicas de biologia molecular estão sempre se aprimorando, fazendo com que aqueles que atuam neste campo exerçam suas funções com entusiasmo, mas também com desafios. Alegria pelo progresso do conhecimento proporcionado por esta tecnologia, pelas transformações e vantagens que pode proporcionar à humanidade, e pelos desafios que surgem continuamente. Desafios, devido à necessidade de atualização constante dos novos métodos técnicos e a adaptação a uma ética científica e tecnológica renovada.

Em trabalho que destaca a aplicação do sequenciamento de DNA e sua importância na identificação do parentesco humano, os autores Medeiros, Alves, Kimura (2023) defendem que os modelos de ensino também podem possibilitar a socialização e promover o trabalho em equipe. E desta forma exercita-se a capacidade dos alunos de respeitar opiniões diferentes. De modo geral, os autores observaram que os alunos gostaram da experiência e, além de reforçarem o conteúdo sobre as origens da variação genética entre os indivíduos, puderam aprender e compreender conceitos que envolvem o sequenciamento de bases nitrogenadas no DNA e sua aplicação na transferência de informações genéticas. Portanto, a utilização do modelo proposto mostra-se um método eficaz para apoiar os professores na sua prática docente de conteúdos de genética.

Desta forma, 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. E nessa perspectiva, os autores 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).

As técnicas de genética molecular surgem como uma ferramenta adicional em vários domínios, ao incluir informação sobre genótipos de animais ou plantas, desde a identidade individual ou familiar, o conhecimento da variabilidade genética individual e populacional, melhoria de características quantitativas ou qualitativas, até à suscetibilidade/resistência à doenças.

O diagnóstico clínico molecular demonstrado por meio de representações gráficas de sequências de DNA pode servir como uma ferramenta que pode ser usada como modelo de ensino para facilitar a compreensão de conteúdos complexos. O objetivo é estimular o interesse dos alunos pelo assunto. Dessa forma, a sequência de ensino proposta visa promover uma aprendizagem significativa, permitindo que os futuros educadores licenciados em ciências biológicas participem ativamente do processo de ensino, estabelecendo relações entre os aspectos moleculares e as funções desempenhadas pelo código genético nos organismos.

Considerando que temos conhecimento limitado acerca da nossa fauna e flora, especialmente no que se refere à informação sobre os cromossomos, incluindo sua quantidade, estrutura e evolução, este estudo teve como meta ampliar o entendimento sobre a transmissão genética das cores da plumagem nas pombas. Para isso, foi utilizado o sequenciamento de DNA e análise das características hereditárias ligadas aos cromossomos sexuais, apresentando um modelo prático que integre conceitos de genética clássica. Além disso, buscou-se demonstrar de forma prática a interdisciplinaridade entre Genética, Biologia Molecular e Matemática, já que Biologia Molecular desperta um significativo interesse nos alunos.

MATERIAL E MÉTODOS

Esta atividade foi realizada na Universidade Federal do município de Rondonópolis do Estado de Mato Grosso, destacando a utilização das técnicas de biologia molecular para auxiliar na distinção entre machos e fêmeas e para identificação dos genes que determinam a variação na coloração apresentada na plumagem de pombos urbanos.

Nesta atividade, foram apresentados três fenótipos gerados pela expressão de três genes diferentes, cada um com seus alelos. A coloração da plumagem foi utilizada para ilustrar alguns conceitos de genética clássica, como da herança ligada ao sexo, bem como para propor atividades que possibilitem a abordagem do tema de uma forma alternativa e próxima da realidade dos alunos.

Os sujeitos que participaram do 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, com duração de 50 minutos, foi dedicada a introduzir o tema em questão, permitindo que os alunos se situassem, compreendessem e se engajassem com o conteúdo. Para isso, foram apresentados conceitos teóricos sobre hereditariedade ligada ao sexo, além da utilização de enzimas de restrição para a identificação de variantes genéticas e padrões hereditários. O objetivo foi proporcionar aos alunos uma compreensão científica e

tecnológica acerca das distinções que caracterizam os cromossomos sexuais, especificamente os alossomos ZW.

Na segunda aula, com duração de 50 minutos, foi realizada uma atividade ilustrando uma prática que envolveu a simulação de uma análise genética para sexagem molecular de um grupo fictício de pombos urbanos, baseada no exame de amostras de segmentos de DNA. Utilizaram-se enzimas de restrição, também conhecidas como endonucleases, para tornar as sequências de DNA visíveis, permitindo a identificação dos genes CHD-Z e CHD-W, localizados nos cromossomos sexuais ou alossomos das aves.

Lembrando aos alunos que o gene CHD – W, localiza-se no cromossomo W, somente nas fêmeas, e o gene CHD – Z é encontrado no cromossomo Z, ocorrendo em ambos os sexos.

A história apresentada aos alunos

A grande diversidade de plumagem de pombos que conhecemos é o resultado de uma intensa seleção artificial. Muitas são as possibilidades de cores da plumagem dessas aves.

Nos pombos urbanos a diferença da cor da plumagem se supõe que seja determinada por genes alelos ligados ao cromossomo sexual Z. Sobre essa base, foram apresentados aos alunos, três fenótipos diferentes: vermelho, azul ou marrom. E 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 pombos urbanos considerando três genes ligados ao cromossomo sexual Z, tendo como exemplificação a transmissão do caráter cor da plumagem, ilustrado por uma representação gráfica onde cada pombo representado mostra a sua característica particular e a relação com os demais através de sequências nucleotídicas de um pequeno fragmento cromossômico obtido a partir de amostras de DNA extraídas de material biológico de várias aves.

A Figura 1, ilustra três exemplos de fenótipos gerados pela expressão de alelos localizados na região não homóloga do alossomo ou cromossomo sexual Z para que os alunos façam um teste de correlação de variação de cores da plumagem entre a vermelha, azul e marrom, para distinguir dentre as amostras de pombos, quais as classes genotípicas que irão caracterizar cada uma das aves analisadas (Figuras 2, 3 e 4).



Figura 1. Fenótipos das variações de cores vermelha, azul e marrom, gerados pela expressão dos alelos envolvidos na determinação da coloração da plumagem dos pombos.

Modelo didático apresentando sequências hipotéticas de DNA de pombos

O modelo didático (Figura 2, 3 e 4), foi elaborado associando biologia molecular e genética. Nessa atividade de caráter investigativo, foi considerado a aplicação do uso do exame

de DNA em teste de identificação dos genes CHD – Z e CHD – W que constituem o par de cromossomos sexuais nos pombos.

Dos 80 cromossomos presentes nos pombos urbanos, 2 são sexuais ou alossomos e 78 são autossomos. Os gametas femininos (ovócitos) possuem 39 cromossomos autossomos e 1 cromossomo sexual ou alossomo, mas o cromossomo sexual pode ser “cromossomo Z” ou um “cromossomo W”.

As cores vermelha, azul e marrom na plumagem dos pombos é causada por mutações em um gene localizado no cromossomo Z. Esse tipo de transmissão genética é denominado de herança ligada ao sexo ou herança ligada ao cromossomo Z, em que os genes estão localizados em uma região não homóloga do cromossomo W.

Cada aluno recebeu o modelo didático (Figuras 2, 3 e 4), com as amostras fenotípicas identificadas por A1 até A15, que simulavam as sequências de nucleotídeos 40_1 e 40_2 , devidamente identificados por 44 letras cada. A letra A correspondia a base Adenina, a letra T a base Timina, a letra C a base Citosina e a letra G a base Guanina e 40_1 e 40_2 ao par de cromossomos sexuais ou alossomos.

A finalidade foi analisar o DNA com a enzima de restrição TaqI *Thermus aquaticus* que é capaz de reconhecer unidades de repetições TCGA ou AGCT ao longo da sequência de nucleotídeos, permitindo a identificação simbólica dos genes CHD – Z e CHD – W, responsáveis pelo sexo das 15 aves. Para isso, quando a sequência TCGA fosse encontrada, os alunos deveriam colorir artificialmente de vermelho e, destacar com um retângulo pontilhado em verde.

As enzimas de restrição, também chamadas de endonucleases de restrição, reconhecem uma sequência específica de bases em uma molécula de DNA, e clivam a molécula naquela sequência ou próximo dela. A sequência de reconhecimento é chamada de sítio de restrição.

O trabalho do aluno era examinar o par de cromossomos 40_1 e 40_2 , denominados de ZZ ou ZW a sequência de DNA de um gene hipotético que possui três alelos. E neste caso, a enzima de restrição TaqI *Thermus aquaticus* era capaz de reconhecer ao longo do segmento de DNA que corresponde ao alelo Z, unidades de sequência de nucleotídeos repetidas TCGA, permitindo assim, a identificação simbólica do sexo feminino e as fórmulas genéticas que correspondem ao gene das plumagens citadas (Figura 1). O resultado da sequência de codificação do gene que revela o sexo e a fórmula genética das 15 aves é representado esquematicamente nas Figuras 2, 3 e 4. Os números 40_1 e 40_2 antes de cada sequência de nucleotídeos na horizontal, representam o par de cromossomos homólogos sexuais ou alossomos.

Amostras fenotípicas	Identificação da amostra	Sequência de codificação do gene que expressa a cor da plumagem localizada na região não homóloga do cromossomo Z, par de cromossomos sexuais Nº 40
	A.1	$40_1: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGTCGATAACTCGAGCGATTGATGA}$ $40_2: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGTCGATAACTCGAGCGATTGATGA}$
	A.2	$40_1: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACTCGAGCGATTGATGA}$ $40_2: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACACGAGCGATTGATGA}$
	A.3	$40_1: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACACGAGCGATTGATGA}$ $40_2: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACACGAGCGATTGATGA}$
	A.4	$40_1: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACTCGAGCGATTGATGA}$ $40_2: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGTTGTTAACTTGGCCTTACCTGA}$
	A.5	$40_1: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGTTGTTAACTTGGCCTTACCTGA}$ $40_2: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACACGAGCGATTGATGA}$

Figura 2. Modelo didático ilustrando hipoteticamente uma sequência de nucleotídeos que permite reconhecer genes ligados ao cromossomo sexual Z (40_1 ou 40_2) que codifica as cores vermelha, azul e marrom da plumagem em pombos urbanos. (Fonte: Os autores, 2023).

Amostras fenotípicas	Identificação da amostra	Sequência de codificação do gene que expressa a cor da plumagem localizada na região não homóloga do cromossomo Z, par de cromossomos sexuais Nº 40
	A.6	$40_1: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGTCGATAACTCGAGCGATTGATGA}$ $40_2: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGTCGATAACTCGAGCGATTGATGA}$
	A.7	$40_1: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACTCGAGCGATTGATGA}$ $40_2: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACTCGAGCGATTGATGA}$
	A.8	$40_1: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACTCGAGCGATTGATGA}$ $40_2: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGTCGATAACTCGAGCGATTGATGA}$
	A.9	$40_1: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGTTGTTAACTTGGCCTTACCTGA}$ $40_2: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACTCGAGCGATTGATGA}$
	A.10	$40_1: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACACGAGCGATTGATGA}$ $40_2: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGTTGTTAACTTGGCCTTACCTGA}$

Figura 3. Modelo didático ilustrando hipoteticamente uma sequência de nucleotídeos que permite reconhecer genes ligados ao cromossomo sexual Z (40_1 ou 40_2) que codifica as cores vermelha, azul e marrom da plumagem em pombos urbanos. (Fonte: Os autores, 2023).

Amostras fenotípicas	Identificação da amostra	Sequência de codificação do gene que expressa a cor da plumagem localizada na região não homóloga do cromossomo Z, par de cromossomos sexuais Nº 40
	A.11	$\left[\begin{array}{l} 40_1: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGTCGATAACTCGAGCGATTCGATGA} \\ 40_2: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACACGAGCGATTCGATGA} \end{array} \right]$
	A.12	$\left[\begin{array}{l} 40_1: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACACGAGCGATTCGATGA} \\ 40_2: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACTCGAGCGATTCGATGA} \end{array} \right]$
	A.13	$\left[\begin{array}{l} 40_1: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACACGAGCGATTCGATGA} \\ 40_2: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGTTGTTAACTTGGCCTTACCTGA} \end{array} \right]$
	A.14	$\left[\begin{array}{l} 40_1: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACTCGAGCGATTCGATGA} \\ 40_2: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACACGAGCGATTCGATGA} \end{array} \right]$
	A.15	$\left[\begin{array}{l} 40_1: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACTCGAGCGATTCGATGA} \\ 40_2: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGTTGTTAACTTGGCCTTACCTGA} \end{array} \right]$

Figura 4. Modelo didático ilustrando hipoteticamente uma sequência de nucleotídeos que permite reconhecer genes ligados, ao cromossomo sexual Z (40_1 ou 40_2) que codifica as cores vermelha, azul e marrom da plumagem em pombos urbanos. (Fonte: Os autores, 2023).

Estratégia para o reconhecimento dos Genes CHD – Z e CHD – W

A localização cromossômica de um gene ou marcador genético (segmento de DNA) é denominada lócus. O segmento de DNA que ocupa um mesmo lócus em diferentes cromossomos homólogos pode ser idêntico ou diferente, devido à ocorrência de mutações ao longo do tempo. As possibilidades alternativas de segmento de DNA que ocupam um determinado lócus são denominadas alelos. Considerando que um indivíduo apresenta um par de cada cromossomo autossômico, um deles de origem paterna e o outro de origem materna, ele apresentará dois alelos em cada lócus, o que determinará o seu genótipo. O termo heterozigose está relacionado à presença de dois alelos distintos (genótipo heterozigoto), enquanto que homozigose se refere à ocorrência de dois alelos idênticos (genótipo homozigoto).

Nas Figuras 2, 3 e 4, observa-se a representação esquemática da sequência nucleotídicas de um pequeno fragmento cromossômico (40_1 e 40_2) obtido a partir de amostras de DNA extraídas de material biológico encontrado em 15 pombos. Destaca-se a presença de unidades de repetições TCGA ao longo da sequência de nucleotídeos reconhecidas pela enzima de restrição TaqI *Thermus aquaticus*.

Os Genes CHD – Z e CHD – W apresentam diferenças fenotípicas influenciadas pela presença ou pela ausência de unidades de repetições TCGA ao longo da sequência de nucleotídeos (Figuras 2, 3 e 4) reconhecidas pela enzima de restrição TaqI *Thermus aquaticus*.

Assim, para a realização dessa atividade dispomos aos estudantes uma representação figural/simbólica/numérica de 15 amostras fenotípicas de DNA de pombos urbanos: A.1, A.2, A.3, A.4 e A.5 (Figura 2); A.6, A.7, A.8, A.9 e A.10 (Figura 3); A.11, A.12, A.13, A.14 e A.15 (Figura 4), demonstrando sequências de nucleotídeos com as variantes TCGA, como representação didática e fonte de informação, 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. Desse modo, foi proposto observação e coleta de dados analisando as informações representativas dos cromossomos sexuais (40_1 e 40_2).

RESULTADOS E DISCUSSÕES

Os pombos são aves da ordem dos Columbiforme, sendo conhecidas aproximadamente 318 espécies em todo o mundo (ZOONOMEN, 2003). No Brasil são encontradas 23 espécies (SICK, 1997). Os pombos que convivem com o homem pertencem, em geral, ao gênero *Columba* e são nativos da Europa, do norte da África e Oriente Médio (FEARE, 1986; NETO; NUNES, 1998; ROOF, 2003), sendo atualmente cosmopolitas (FEARE, 1986). No Brasil há oito espécies do gênero *Columba* (SICK, 1997).

Para os autores Labanhare & Perrelli (2007) os pombos do gênero *Columba* são bastante conhecidos pela sua convivência com o homem. A boa adaptação ao ambiente urbano, a oferta de alimento, a arquitetura, a tolerância mútua entre pombos e seres humanos, além da falta de um programa de controle populacional são alguns dos fatores associados à proliferação de pombos em ambientes urbanos.

De forma geral, os pombos urbanos são monomórficos, ou seja, machos e fêmeas têm a mesma aparência, não sendo possível determinar o sexo apenas pela visualização externa. Sendo necessário a realização de exames de DNA. O sexo genético de um pombo é determinado por um par de cromossomos, denominados cromossomos sexuais ou alossomos.

A determinação do sexo é importante para estudos populacionais e conservacionistas, particularmente para programas de reprodução de espécies ameaçadas, ecologia comportamental e biologia evolutiva. Porém, em pombos os sexos aparentemente não diferem quanto às características morfológicas externas. Os pombos urbanos, em alguns livros chamados de *Columba livia* não apresentam dimorfismo sexual aparente. Os machos e as fêmeas têm o mesmo número cromossômico ($2n = 80$) e diferem somente quanto ao complemento de cromossomos sexuais, sendo que o cromossomo comum aos dois sexos é chamado Z e o cromossomo exclusivo da fêmea é chamado W. Assim, o par de cromossomos sexuais no macho é formado por dois cromossomos iguais, sendo, portanto, homogamético (ZZ). Já o par de cromossomos sexuais da fêmea é formado por um cromossomo Z e um outro, conhecido por W, sendo a fêmea, portanto heterogamética (ZW).

Cada espécie de ave é caracterizada por um conjunto numérico específico de cromossomos com morfologias e sequências gênicas distintas. Este conjunto recebe o nome de cariótipo e é formado por cromossomos autossônicos aos pares e dois cromossomos sexuais ou alossomos. Tanto os machos quanto as fêmeas de uma mesma espécie possuem número diplóide ($2n$) igual de cromossomos, porém, são diferenciados quanto ao tipo de cromossomo sexual: no caso do macho, são dois cromossomos sexuais do tipo Z; e no caso na fêmea, é um cromossomo sexual do tipo Z e outro cromossomo sexual do tipo W.

Normalmente cada ave descendente herda um conjunto completo de cromossomos de cada uma das aves ascendentes. No caso, a Tabela 1, ilustra que os pombos possuem em suas células somáticas, 80 cromossomos no total, dispostos em 40 pares, sobre os quais seus genes são conservados ou mantidos; 40 cromossomos são provenientes do ascendente masculino, e o par semelhante a este, com 40 cromossomos, é proveniente da ascendente feminina. Então, quando o pombo for do sexo masculino, será indicado por dois cromossomos sexuais do tipo Z e no caso se for do sexo feminino por um cromossomo sexual do tipo Z e outro cromossomo sexual do tipo W.

Assim, são as fêmeas heterogaméticas, quem vão formar gametas distintos e determinar o sexo dos descendentes (Tabela 1). Portanto, no Sistema ZW/ZZ, as fêmeas formam gametas contendo ou o cromossomo Z, que determinará a formação de um macho, ou o cromossomo W, que determina a formação de uma fêmea. Os machos formam apenas gametas portadores do cromossomo Z, além do lote de autossomos. Portanto, nas células somáticas da espécie *Columba livia* (pombo urbano) existem 40 pares de cromossomos, dos quais 39 pares não apresentam diferenças entre machos e fêmeas, sendo chamados de autossomos. Os dois outros cromossomos, chamados de alossomos, heterossomos ou cromossomos sexuais apresentam diferenças: enquanto os machos apresentam dois cromossomos sexuais perfeitamente homólogos, que foram denominados ZZ, as fêmeas possuem um cromossomo Z e um outro, não totalmente homólogo denominado W. Todos os gametas (espermatozoides) formados por meiose em um macho possuem o cromossomo Z, enquanto as fêmeas podem formar gametas (óvulos) que apresentam o cromossomo Z e outros, que apresentam o cromossomo W.

Os cromossomos sexuais Z e W são considerados parcialmente homólogos. Apresentam tamanhos diferentes, sendo o Z maior que o W. Durante a meiose, divisão celular de células sexuais, ocorre o pareamento apenas de uma parte desses cromossomos, por esse motivo são considerados como cromossomos parcialmente homólogos.

A divisão celular se dá por dois processos, a mitose e a meiose. A mitose ocorre nas células somáticas ou diplóides do organismo das pombas. Nesse processo é feito uma cópia exata de cada cromossomo e depois há uma distribuição equitativa e conservativa, de modo que gere dois produtos idênticos, ou seja, duas células com 80 cromossomos cada.

A meiose ocorre para que haja a formação das células sexuais ou haplóides (n) do organismo das pombas. Através da meiose os gametas ficam com o número de cromossomos reduzidos à metade ($n = 40$ cromossomos), ou seja, a célula deixa de ser diplóide ($2n = 80$ cromossomos) e passa a ser haplóide ($n = 40$ cromossomos). Quando o gameta de origem materna (40 cromossomos) se une ao gameta de origem paterna (40 cromossomos) o número de cromossomos característico da espécie é restabelecido ($40 + 40 = 80$ cromossomos).

Os pares de cromossomos autossômicos constam de cópias materna e paterna, sendo morfologicamente semelhantes. Desses pares, os primeiros 39 são chamados de cromossomos autossômicos e são idênticos nos indivíduos de ambos os性. Os genes localizados nesses cromossomos não estão relacionados a características sexuais, mas desempenham um papel na determinação de outras características.

O 40º par é constituído pelos cromossomos sexuais, que determinam as características sexuais de um pombo. Quando ele consiste em dois cromossomos Z (ZZ), o indivíduo é classificado como do sexo masculino, enquanto a combinação de um cromossomo Z com um W resulta em ave do sexo feminino.

Os gametas, também são conhecidos como células germinativas e, possuem apenas um conjunto de cromossomos, totalizando 40 cromossomos por célula, incluindo o cromossomo sexual. No caso dos ovócitos secundários, o cromossomo na posição 40º pode ser um Z ou um W, enquanto os espermatozoides sempre carregam um cromossomo Z.

Os cromossomos homólogos são aqueles que fazem par com outros cromossomos correspondentes. Eles são iguais em tamanho, têm o centrômero posicionado no mesmo lugar e a mesma posição de genes, ou seja, são muito parecidos em termos genéticos. Os cromossomos homólogos estão presentes nas células diplóides ($2n = 80$). O seu emparelhamento acontece na meiose, o processo de divisão celular que forma células sexuais.

Os pombos machos recebem um cromossomo Z de ambos os ascendentes (ZZ); a fêmea recebe um cromossomo Z do seu ascendente masculino e um cromossomo W do seu ascendente feminino (ZW).

Tabela 1. Representação esquemática dos tipos de células encontradas nos pombos urbanos com os respectivos números de cromossomos autossomos e sexuais ou alossomos.

Tipos células	Somáticas	Reprodutoras
	78 autossomos + ZZ	39 autossomos + Z
	78 autossomos + ZW	39 autossomos + Z ou 39 autossomos + W

A molécula de DNA, que é formada por milhões de nucleotídeos em cadeia, sofre às vezes alterações, chamadas mutações, com a substituição de certos nucleotídeos por outros diferentes. Desse modo, às vezes, essas mutações tornam-se estáveis, sendo transmitidas aos descendentes. Como é muito grande a variação no número e no tipo de mutações estáveis do DNA, esse fenômeno é conhecido como polimorfismo genético.

Para reconhecer os lócus (sítios) onde ocorrem essas mutações, existe o método que usa as chamadas enzimas de restrição, que reconhecem o DNA apenas onde existem certas sequências específicas de nucleotídeos, designados pelas letras iniciais dos nomes das bases que os formam: adenina [A], citosina [C], guanina [G] e timina [T]. A enzima de restrição TaqI *Thermus aquaticus* (Figura 1), no exemplo, só reconhece na cadeia de DNA o sítio correspondente à sequência de nucleotídeos com as variantes TCGA. Neste caso, a mutação substitui T por A, eliminando um sítio de restrição e assumindo após algum tempo posições variáveis, o que constitui o padrão de polimorfismo.

A Figura 5, ilustra hipoteticamente as sequências nucleotídicas de um pequeno fragmento cromossômico (40_1 e 40_2) obtido a partir de amostras de DNA extraídas de material biológico de aves com plumagem vermelha, azul e marrom. Foram verificadas as funções de cada gene e de seus alelos, assim como os resultados fenotípicos de suas expressões. Serviu como um primeiro contato com o tema da determinação genética da coloração da plumagem e do sexo de cada amostra de pomba. Destaca-se que foram reconhecidas pela enzima de restrição TaqI *Thermus aquaticus*, unidades de repetições TACG em vermelho que só existe no alossomo Z sendo responsáveis pela expressão das cores vermelha, azul e marrom na plumagem dos pombos, caracterizando as variações alélicas Z^V , Z^a ou Z^m . No alossomo W, observa-se que não foi encontrado sequências de nucleotídeos com as unidades de repetições TCGA.

A interpretação das amostras amplificadas foi feita de acordo com o genótipo de pombas fêmeas que são heterogaméticas, apresentando apenas um dos dois alelos. Assim, como esses genes seguem o padrão de herança ligada ao cromossomo Z, notou-se que o gene Z^V , se expressa em presença de repetições de três sítios de restrição com as variantes TCGA. O gene Z^a , se expressa em presença de dois sítios de restrição com as variantes TCGA. E o gene Z^m se expressa em presença de apenas um sítio de restrição com as variantes TCGA. Diferentemente do cromossomo Z, o W não apresentou sítios de restrição com as variantes TCGA, permitindo assim, a identificação simbólica do sexo feminino.

Fenótipos observados	Sequência de codificação do gene que expressa a cor da plumagem localizada na região não homóloga do cromossomo Z, par de cromossomos sexuais Nº 40	Gene alelo codificados (Gametas)
Plumagem vermelha	40 ₁ :TGAACGTGTGGCCCACCAAGTCGATAACTCGAGCGATTGATGA	Z ^V
Plumagem azul	40 ₁ :TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACTCGAGCGATTGATGA	Z ^a
Plumagem marrom	40 ₁ :TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACACGAGCGATTGATGA	Z ^m
Sem expressão de cor	40 ₂ :TGAACGTGTGGCCCACCAA GTTGTTAACTTTGGCCCTTACCTGA	W

Figura 5. Sequências de nucleotídeos dos cromossomos sexuais (40₁ e 40₂), devidamente identificados por 44 letras cada, ilustrando hipoteticamente a informação genética do DNA que permite reconhecer genes CHD – Z que caracteriza as cores vermelha, azul e marrom na plumagem e CHD – W que identifica o sexo dos pombos. (Fonte: Os autores, 2023).

A constatação da alteração em sequências do DNA é importante para a identificação de mutações, bem como para a descoberta de polimorfismos de DNA.

Grande parte das variações genéticas são devidas às diferenças produzidas pela mudança de bases na sequência de DNA. Assim, o uso de técnicas capazes de detectar substituições de bases quando se procura mutações e sequências polimórficas foi um avanço tecnológico para a pesquisa destas variações.

A técnica permitiu que toda vez que for possível visualizar nos dois segmentos de DNA dos cromossomos 40₁ e 40₂ combinações de nucleotídeos TCGA é certeza de que se trata de pombos do sexo masculino. Assim, quando não for possível visualizar as combinações de nucleotídeos TCGA no segmento de 44 bases, é certeza de que se trata do cromossomo W, presente apenas nas fêmeas. Então, quando o pombo for do sexo masculino, será indicado por dois cromossomos sexuais do tipo Z e no caso se for do sexo feminino por um cromossomo sexual do tipo Z e outro cromossomo sexual do tipo W.

As enzimas de restrição, também chamadas de endonucleases, são proteínas bacterianas que reconhecem uma sequência específica de nucleotídeos, no nosso caso a *TaqI* é uma enzima de restrição que foi isolada a partir da bactéria *Thermus aquaticus*, no ano de 1978. A sua sequência de reconhecimento é: 5'TCGA: 3'AGCT (SATO, 1978).

Na Tabela 2, verificou-se que a variante TCGA demonstrou estar nos pombos (A.1, A.4 e A.5), associada a apenas um do par de cromossomos (40₁ ou 40₂) o que identifica essas aves como do sexo feminino (ZW), pois elas possuem apenas um dos cromossomos, respectivamente, 40₁, 40₂ e 40₁ que não expressam no segmento formado pelas 44 bases de nucleotídeos, as variantes TCGA, significando que se refere ao cromossomo W, presente apenas nas fêmeas ZW.

A pomba A.1 é do sexo feminino, pois possui apenas um cromossomo sexual Z. Portanto como ela possui apenas uma cópia do gene Z^V e fenótipo plumagem vermelha o seu genótipo foi identificado como hemizigoto Z^VW. A pomba A.4 também do sexo feminino, porém com fenótipo plumagem azul foi identificada com genótipo hemizigoto Z^aW. E a pomba A.5, também do sexo feminino, porém com plumagem marrom foi identificada com genótipo hemizigoto Z^mW.

Os pombos (A.2 e A.3), possuem nos dois segmentos formados pelas 44 bases de nucleotídeos, nos pares de cromossomos, respectivamente, 40₁ e 40₂ as variantes TCGA, significando que se refere ao par de cromossomos ZZ, presente apenas nos machos.

O pombo A.2 expressa duas variantes TCGA, no cromossomo 40₁ e uma variante no cromossomo 40₂ demonstrando a plumagem azul. Desse modo, o pombo A.2 é identificado como do sexo masculino, pois, possui um par de cromossomo sexual ZZ. Portanto como tem plumagem azul, mas também carrega o gene marrom, não podendo expressá-lo, o seu genótipo foi identificado como heterozigoto Z^aZ^m.

O pombo A.3 expressa uma variante TCGA, no cromossomo 40₁ e uma variante no cromossomo 40₂ demonstrando a plumagem marrom. Desse modo, o pombo A.3 é identificado como do sexo masculino e genótipo homozigoto Z^mZ^m.

No caso, os pombos do sexo masculino que são organismos diplóides com duas cópias do mesmo alelo do gene para cor da plumagem são chamados homozigotos nesse lócus gênico, enquanto que pombos com dois alelos diferentes do mesmo gene são chamados heterozigotos.

Portanto, nesse tipo de herança genética, os pombos machos (A.2 e A.3) apresentam, respectivamente, o genótipo heterozigoto Z^aZ^m e homozigoto Z^mZ^m. As fêmeas (A.1, A.4 e A.5) apresentam, respectivamente, os genótipos hemizigoto Z^VW, Z^aW e Z^mW.

Assim, a partir do genótipo e fenótipo apresentado pelo pombo macho (A.2), notou-se, uma relação de dominância entre os genes responsáveis pela coloração em pombos: o gene para coloração azul (Z^a) domina o gene para coloração marrom (Z^m). Desse modo, os possíveis genótipos dos pombos machos azuis serão Z^aZ^m e Z^aZ^a.

Tabela 2. Sequências de nucleotídeos dos cromossomos sexuais (40₁ e 40₂), devidamente identificados por 44 letras cada, ilustrando hipoteticamente a informação genética do DNA que permite reconhecer genes CHD – Z que caracteriza as cores vermelha, azul e marrom na plumagem e CHD – W que reconhece o sexo dos pombos. (Fonte: Os autores, 2023).

Amostras fenotípicas	Identificação da amostra	Sequência de codificação do gene que expressa a cor da plumagem localizada região não homóloga do cromossomo Z, par de cromossomos sexuais Nº 40	Sexo da ave	Classe genotípica
	A.1	$40_1: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGTTGTTAACCTTGGCCTTACCTGA}$ $40_2: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGTCGATAACTCGAGCGATTCGATGTA}$		Z ^V W
	A.2	$40_1: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACACGAGCGATTCGATGTA}$ $40_2: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACACGAGCGATTCGATGTA}$		Z ^a Z ^m
	A.3	$40_1: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACACGAGCGATTCGATGTA}$ $40_2: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACACGAGCGATTCGATGTA}$		Z ^m Z ^m
	A.4	$40_1: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACACGAGCGATTCGATGTA}$ $40_2: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGTTGTTAACCTTGGCCTTACCTGA}$		Z ^a W
	A.5	$40_1: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGTTGTTAACCTTGGCCTTACCTGA}$ $40_2: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACACGAGCGATTCGATGTA}$		Z ^m W

Na Tabela 3, verificou-se que a variante TCGA demonstrou estar associada as amostras dos dois cromossomos (40₁ e 40₂) dos pombos A.6, A.7 e A.8 o que significa que esses pombos são do sexo masculino ZZ. Entretanto as amostras A.9 e A.10 demonstraram ter apenas um dos cromossomos, respectivamente, 40₂ e 40₁ expressando variantes TCGA, significando que esses pombos são do sexo feminino ZW.

A variante TCGA também demonstrou estar associada as cores da plumagem dos pombos. O pombo A.6 e A.8 que expressam três variantes TCGA, respectivamente, nos cromossomos 40₁, 40₂ e 40₂ demonstraram, plumagem vermelha. Os pombos A.7 e A.9 que expressam duas variantes TCGA, respectivamente, nos cromossomos 40₁, 40₂ e 40₂ demonstraram a plumagem azul. O pombo A.10 que expressou uma única variante TCGA, no cromossomo 40₁, demonstrou plumagem marrom.

Portanto, os pombos machos (A.6, A.7 e A.8) apresentam, respectivamente, o genótipo homozigoto Z^VZ^V , Z^aZ^a e heterozigoto Z^VZ^m . As fêmeas (A.9 e A.10) apresentam, respectivamente, os genótipos hemizigoto Z^aW e Z^mW .

Assim, a partir dos genótipos e fenótipos apresentados pelos pombos machos (A.6, A.7 e A.8), notou-se, uma relação de dominância entre os genes responsáveis pela coloração em pombos: o gene para coloração vermelha (Z^V) domina o gene para coloração azul (Z^a) que domina o gene para coloração marrom (Z^m).

Dessa forma, na transmissão da coloração da plumagem, observou-se o envolvimento de três genes alelos ligados ao cromossomo Z: Z^V , Z^a e Z^m . Esses alelos são responsáveis por garantir que um pombo apresente o padrão de plumagem, respectivamente, dos tipos: vermelho, azul ou marrom. Assim, os possíveis genótipos dos pombos machos vermelhos serão Z^VZ^V , Z^VZ^a e Z^VZ^m .

Verificou-se então que o caráter cor da pelagem é controlado por um gene, com 3 alelos e com a seguinte ordem de dominância $Z^V > Z^a > Z^m$.

Tabela 3. Sequências de nucleotídeos dos cromossomos sexuais (40₁ e 40₂), devidamente identificados por 44 letras cada, ilustrando hipoteticamente a informação genética do DNA que permite reconhecer genes CHD – Z que caracteriza as cores vermelha, azul e marrom na plumagem e CHD – W que reconhece o sexo dos pombos. (Fonte: Os autores, 2023).

Amostras fenotípicas	Identificação da amostra	Sequência de codificação do gene que expressa a cor da plumagem localizada região não homóloga do cromossomo Z, par de cromossomos sexuais N° 40	Sexo da ave	Classe genotípica
	A.6	$40_1: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAG} \boxed{\text{TCGA}} \text{TAAC} \boxed{\text{TCGA}} \text{GCGAT} \boxed{\text{TCGA}} \text{TGA}$ $40_2: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAG} \boxed{\text{TCGA}} \text{TAAC} \boxed{\text{TCGA}} \text{GCGAT} \boxed{\text{TCGA}} \text{TGA}$		Z^VZ^V
	A.7	$40_1: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAAC} \boxed{\text{TCGA}} \text{GCGAT} \boxed{\text{TCGA}} \text{TGA}$ $40_2: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAAC} \boxed{\text{TCGA}} \text{GCGAT} \boxed{\text{TCGA}} \text{TGA}$		Z^aZ^a
	A.8	$40_1: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAAC} \boxed{\text{TCGA}} \text{GCGAT} \boxed{\text{TCGA}} \text{TGA}$ $40_2: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAG} \boxed{\text{TCGA}} \text{TAAC} \boxed{\text{TCGA}} \text{GCGAT} \boxed{\text{TCGA}} \text{TGA}$		Z^VZ^a
	A.9	$40_1: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGTTAAC} \text{TTGGCCTTACCTGA}$ $40_2: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAAC} \boxed{\text{TCGA}} \text{GCGAT} \boxed{\text{TCGA}} \text{TGA}$		Z^aW
	A.10	$40_1: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAAC} \text{ACGAGCGAT} \boxed{\text{TCGA}} \text{TGA}$ $40_2: \text{TGAACGTGTGGCCCACCAAGTTAAC} \text{TTGGCCTTACCTGA}$		Z^mW

Na Tabela 4, verificou-se que a variante TCGA demonstrou estar associada as amostras dos pares de cromossomos dos pombos (A.11, A.12 e A.13) o que significa que toda vez que for possível visualizar nos dois segmentos de DNA (40₁ e 40₂) combinações de nucleotídeos TCGA é certeza de que se trata de pombos do sexo masculino ZZ. Entretanto verificou-se que as amostras A.13 e A.15 demonstraram ter um dos cromossomos (40₁ e 40₂) que não expressaram a variante TCGA, significando que o segmento de 44 bases que não expressaram a variante TCGA refere-se ao cromossomo W, presente apenas nas fêmeas ZW.

Assim as combinações de nucleotídeos TCGA é a variante controle que aparece tanto nos machos quanto nas fêmeas.

A variante TCGA também demonstrou estar associada as cores da plumagem dos pombos. O pombo A.11 que expressa três variantes TCGA no cromossomo 40₁ e uma variante TCGA no cromossomo 40₂ demonstrou plumagem vermelha. Os pombos A.12, A.14 e A.15 que expressam duas variantes TCGA, respectivamente, nos cromossomos 40₂, 40₁ e 40₁ demonstraram a plumagem azul. O pombo A.13 que expressa uma única variante TCGA no cromossomo 40₁ demonstrou plumagem marrom.

Assim, a partir dos genótipos e fenótipos apresentados pelos pombos de sexo masculino (A.11, A.12 e A.13), notou-se, uma relação de dominância entre os genes responsáveis pela coloração da plumagem: o gene para coloração vermelha (Z^V) domina os demais, e o gene para coloração azul (Z^a) domina o gene para coloração marrom (Z^m). Reforçando-se então que o caráter cor da pelagem é controlado por um gene, com 3 alelos e com a seguinte ordem de dominância $Z^V > Z^a > Z^m$.

Desse modo, os pombos machos de plumagem vermelha poderão apresentar três possíveis genótipos: Z^vZ^v , Z^vZ^a ou Z^vZ^m . Já as fêmeas, apenas o genótipo Z^vW . Os pombos machos de plumagem azul poderão apresentar dois possíveis genótipos: Z^aZ^a ou Z^aZ^m . As fêmeas, apenas o genótipo Z^aW . E os pombos machos de plumagem marrom poderão apresentar apenas um único possível genótipo: Z^mZ^m . Já as fêmeas, o genótipo Z^mW

Tabela 4. Sequências de nucleotídeos dos cromossomos sexuais (40₁ e 40₂), devidamente identificados por 44 letras cada, ilustrando hipoteticamente a informação genética do DNA que permite reconhecer genes CHD – Z que caracteriza as cores vermelha, azul e marrom na plumagem e CHD – W que reconhece o sexo dos pombos. (Fonte: Os autores, 2023).

Amostras fenotípicas	Identificação da amostra	Sequência de codificação do gene que expressa a cor da plumagem localizada região não homóloga do cromossomo Z, par de cromossomos sexuais Nº 40	Sexo da ave	Classe genotípica
	A.11	40 ₁ :TGAACGTGTGGCCCACCAAGTCGATAACTCGAGCGATTCGATG 40 ₂ :TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACACGAGCGATTCGATG	♂	Z^vZ^m
	A.12	40 ₁ :TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACACGAGCGATTCGATG 40 ₂ :TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACTCGAGCGATTCGATG	♂	Z^aZ^m
	A.13	40 ₁ :TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACACGAGCGATTCGATG 40 ₂ :TGAACGTGTGGCCCACCAAGTTGTTAACCTTGGCCTTACCTG	♀	Z^mW
	A.14	40 ₁ :TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACTCGAGCGATTCGATG 40 ₂ :TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACACGAGCGATTCGATG	♂	Z^aZ^m
	A.15	40 ₁ :TGAACGTGTGGCCCACCAAGACGATAACTCGAGCGATTCGATG 40 ₂ :TGAACGTGTGGCCCACCAAGTTGTTAACCTTGGCCTTACCTG	♀	Z^aW

Portanto, nas Tabelas 2, 3 e 4, através das características fenotípicas e das sequências de DNA ilustradas pelos cromossomos homólogos 40₁ e 40₂, foi possível saber que 8 pombos são do sexo masculino, sendo, três de plumagem vermelha, quatro de plumagem azul e um de plumagem marrom. E 7 pombos são do sexo feminino, sendo um de plumagem vermelha, três de plumagem azul e três de plumagem marrom. E essas características são determinadas por mais de um gene e ligadas ao cromossomo alossomo Z. Portanto, se queremos saber qual a

quantidade de cada um dos alelos para o lócus responsável pelas cores da plumagem, está presente nesse grupo populacional, teremos de especificar seus genótipos e dizer quantos deles são de cada tipo. Como do total de aves contados na população hipotética, 8 são do sexo masculino, sendo que três apresentaram genótipos homozigotos, respectivamente, 01 Z^VZ^V , 01 Z^aZ^a , 01 Z^mZ^m e 05 genótipos heterozigotos, respectivamente, 01 Z^vZ^a , 01 Z^vZ^m , 03 Z^aZ^m . E na população feminina 7 genótipos hemizigotos, respectivamente, 01 Z^vW , 03 Z^aW e 03 Z^mW (Tabela 6). Com isso, poderemos quantificar os alelos Z^V , Z^a e Z^m que foram ilustrados pelos cromossomos (40₁ e 40₂).

Considerando que cada ave do sexo masculino apresenta um par de cromossomos alossomos Z, um deles de origem paterna e o outro de origem materna, ele apresentará dois alelos em cada lócus, o que determinará o seu genótipo. O termo heterozigose está relacionado à presença de dois alelos distintos (genótipo heterozigoto), enquanto que homozigose se refere à ocorrência de dois alelos idênticos (genótipo homozigoto).

A Tabela 5, ilustra a frequência absoluta e o número de alelos identificados por cada classe genotípica. Assumindo que o número de aves de cada sexo foi de 8 aves para o sexo masculino ZZ, significando 16 genes alelos e de 7 aves para o sexo feminino ZW, significando 7 genes, verificou-se um total de 23 genes.

Cada ave do sexo masculino contém dois genes; assim, nós contamos 16 genes representativos nesses lóculos (1 de genótipo Z^VZ^V + 1 genótipo Z^aZ^a + 1 genótipo Z^mZ^m + 1 genótipo Z^vZ^a + 1 genótipo Z^vZ^m + 3 genótipos Z^aZ^m). E cada ave do sexo feminino contém apenas um gene, por isso, nós contamos somente 7 genes representativos nesses lóculos (1 genótipo Z^vW + 3 genótipos Z^aW + 3 genótipos Z^mW) e assim, encontramos um total de 23 alelos.

Tabela 5. Classe genotípicas da população imaginaria de pombos urbanos, apresentando, em destaque, as frequências absolutas e número de genes alelos.

Genótipos	Frequência absoluta	Numero de genes alelos
Z^VZ^V	1	2 (Z^V)
Z^aZ^a	1	2 (Z^a)
Z^mZ^m	1	2 (Z^m)
Z^vZ^a	1	2 (1 Z^V + 1 Z^a)
Z^vZ^m	1	2 (1 Z^V + 1 Z^m)
Z^aZ^m	3	6 (3 Z^a + 3 Z^m)
Z^vW	1	1 (Z^V)
Z^aW	3	3 (Z^a)
Z^mW	3	3 (Z^m)
Total	15 genótipos	23 alelos

Existe outra frequência muito importante, que é a frequência relativa. A diferença entre elas é que a frequência absoluta é a quantidade de vezes que a mesma resposta apareceu, já a relativa é a quantidade de vezes que essa resposta apareceu em relação ao total de respostas. Geralmente a frequência relativa é representada em porcentagem e é encontrada quando dividimos a frequência absoluta pelo total de respostas obtidas.

Portanto, frequência gênica ou alélica dos alelos em estudo Z^V , Z^a e Z^m , nesse grupo de pombos, será definida como a proporção (%) de todos os alelos desse loco. A soma das frequências gênicas em uma população deve ser igual a um (1), devido ao fato de cada frequência gênica ser uma proporção do total.

O sexo masculino que possui dois cromossomos sexuais Z, é o sexo homogamético, cada ave contém dois genes; assim, contamos 16 genes representativos nesses lócus. Cada indivíduo Z^VZ^V , Z^aZ^a ou Z^mZ^m contém dois alelos de cada gene (homozigoto) e cada indivíduo Z^VZ^a , Z^VZ^m ou Z^aZ^m contém um alelo de cada gene (heterozigoto).

Contudo, o sexo feminino contém apenas um cromossomo Z, é o sexo heterogamético, cada ave contém um gene; assim, nós contamos 7 genes representativos nesses lócus. Cada indivíduo Z^VW , Z^aW ou Z^mW contém apenas um alelo do gene (hemizigoto).

Com base na identificação da classe genotípica de cada pombo (conforme apresentado nas Tabelas 2, 3 e 4), foi viável calcular a frequência relativa e percentual de cada gene. Isso foi realizado por meio da contagem das ocorrências dos alelos Z^V , Z^a e Z^m no grupo de pombos, seguido da divisão pelo total de cópias do gene. Para determinar a frequência de cada alelo desta população, é necessário conhecer os genótipos vinculados aos genes Z^V , Z^a e Z^m . Assim, entendendo que a frequência absoluta refere-se ao número de vezes que um alelo Z^V , Z^a ou Z^m aparece nos genótipos, a frequência absoluta de um desses alelos pode ser obtida simplesmente contando suas repetidas ocorrências.

A Tabela 6, ilustra as frequências absolutas, frequências relativas e o porcentual de cada um dos três alelos, onde Z^V codifica para plumagem vermelha, Z^a para plumagem azul e Z^m para plumagem marrom.

A frequência absoluta é o número de vezes que aquele mesmo alelo apareceu. Com base na frequência absoluta, foi possível encontrar a frequência relativa, que foi obtida da divisão entre a frequência absoluta e o total de alelos do conjunto. Assim, a frequência do alelo Z^V é de $5/23 = 0,2174$. Portanto, o alelo Z^V está numa frequência de 21,74%, enquanto a frequência do alelo Z^a é de $9/23 = 0,3913$, portanto, frequência de 39,13%. A frequência do alelo Z^m é de $9/23 = 0,3913$, portanto, frequência de 39,13%. Desse modo, a soma das frequências gênicas corresponde à unidade ou 100%.

Tabela 6. Frequências dos diferentes alelos do lócus responsável pela cor da plumagem vermelha, azul e marrom observada no grupo imaginário populacional de pombos urbanos.

Genes alelos	Frequência absoluta	Frequência relativa	%
Z^V	5	0,2174	21,74%
Z^a	9	0,3913	39,13%
Z^m	9	0,3913	39,13%
Total	23	1,0000	100,00%

Do ponto de vista ambiental, uma possível utilidade desse tipo de estudo é usar a caracterização dos cromossomos para diferenciar machos de fêmeas de espécies, quando nem sempre é possível ser feita apenas pela análise de seus traços físicos. Esse tipo de trabalho pode ser útil também para preservar a diversidade genética dessas espécies, uma vez que os cruzamentos acontecem constantemente entre indivíduos aparentados o que pode se tornar um fator negativo para perpetuação de espécies com reduzido número de indivíduos na sua população.

No sistema genético dos pombos urbanos, os genes ocorrem em duplicação, ou seja, vêm em duas cópias. Além disso, o efeito de uma cópia de um gene pode ser dominante sobre a outra cópia, que é dito ser recessivo. Como foi visto nas Tabelas 1, 2, 3 e 4, para um determinado gene, um pombo do sexo masculino (ZZ) pode ter duas cópias de genes iguais, sendo duas cópias dominantes ou duas recessivas, ou uma cópia dominante e uma cópia recessiva. Desse modo, nesse tipo de herança, os pombos machos apresentaram seis tipos de genótipos, e as fêmeas apresentaram apenas três. Portanto considerando um gene com dois alelos que estão localizados na região não homóloga do cromossomo Z. Um pombo macho poderá apresentar os possíveis genótipos: Z^vZ^v , Z^aZ^a , Z^mZ^m , Z^vZ^a , Z^vZ^m ou Z^aZ^m . Já a fêmea apenas os genótipos Z^vW , Z^aW ou Z^mW . Como as fêmeas apresentam apenas um cromossomo Z e possuem apenas um alelo, dizemos que elas são hemizigóticas.

Segundo Jerônimo (2016), a sexagem molecular é uma ferramenta de extrema importância para a identificação de machos e fêmeas de aves monomórficas, utilizada nas mais diversas áreas de pesquisa, como conservação biológica, genética, evolução e comportamento. Dessa forma, a identificação molecular do sexo de animais adultos é realizada tanto para as espécies que apresentam dimorfismo sexual aparente, como para aquelas que não apresentam diferenças morfológicas ou que possuem distinções discretas entre os dois sexos.

De acordo com os protocolos estabelecidos pelos autores Sambrook; Fritsch; Maniatis (1989); Rudbek & Dissing (1998) a técnica de Reação em Cadeia de Polimerase (PCR), pode ser utilizada para realizar a sexagem de aves através de uma extração de DNA, através de uma coleta incisiva de opções como sangue, penas e pedaços de unhas, que é capaz de revelar a composição dos cromossomos sexuais e determinar assim, o sexo da ave.

Segundo os autores De Antônio; Fraga; Tomazi (2021) para a realização de PCR em aves, fazem-se necessários alguns procedimentos, tais como a imobilização física do animal, a coleta do material genético, a extração do DNA e posteriormente, os genes são amplificados para que seja possível observar as bandas geradas por eletroforese. Dessa forma, realiza-se a classificação dos genes Z e W e assim a sexagem da ave. Logo, esses fatores facilitam, em rotina de zoológicos e centros de triagem, a identificação dos sexos para catalogação de espécimes fêmeas e machos recém chegados nesses locais. Mediante os passos citados, o processo de determinação sexual por sexagem molecular, costuma demorar três dias e é realizado com material biológico como sangue coletado de veias periféricas, pequeno corte da unha, do bulbo da pena arrancada e até de um swab oral ou cloacal, além de fezes da ave.

Além disso, segundo os autores Sasaki (1972); Griffiths et al. (1998); Takagi; Itoh; Shetty et al. (2002); De Antônio; Fraga; Tomazi (2021) alguns marcadores moleculares utilizados para a sexagem são a presença do gene CHD (Chromo-helicase-DNA-binding) e a ausência do gene DMRT1 (Doublesex and Mab-3 Related Transcription Factor 1) no cromossomo W. Dessa maneira, o primeiro gene está relacionado a dois outros, o CHD-Z e o CHD-W, um em cada cromossomo sexual, permitindo assim, a sexagem. Já o gene DMRT1, por ser ausente no cromossomo W, facilita a sexagem.

Para os autores Raso & Werther (2004) a identificação dos sexos, oriunda da sexagem molecular, em aves monomórficas, é de extrema importância quando comparado ao sucesso da reprodução de matrizes selvagens. Logo, passa a ser uma ferramenta relevante para a realização

de estudos comportamentais e populacionais em pássaros que não apresentam dimorfismo sexual aparente (FARIA; CARRARA; RODRIGUES, 2007). No entanto, existem fatores que podem interferir negativamente na conclusão desses resultados, explicado pelo fato de algumas anomalias pigmentares possuírem o poder de confundir a identificação das espécies que já são definidas por um padrão fenotípico específico. Nesse âmbito, as anomalias foram responsáveis, em dado momento, por causarem problemas taxonômicos, através de descrições precipitadas de “novas espécies” (SIGRIST, 2006).

Os autores Labanhare & Perrelli (2004) apontam para a diversidade de valores, crenças e interpretações acerca da proliferação dessas aves. Numa pesquisa em que se pretendia conhecer as percepções de um público leigo sobre pombos urbanos, os autores constataram que essa diversidade parece ter relação com o gênero, idade, histórias de vida e nível socioeconômico e cultural das pessoas. Uma mesma pessoa pode conviver com imagens contraditórias a respeito dos pombos. Por exemplo, é possível gostar dos pombos urbanos, associá-los à paz e à beleza da cidade e, ao mesmo tempo, relacioná-los à sujeira, ao sentimento de nojo e às doenças. Essa ambivalência determina, na prática, uma certa dificuldade de mudança de atitudes pessoais em relação a essas aves (como cessar o oferecimento de alimento ou exterminar os ovos dos pombos, por exemplo) para conter o aumento de sua população nas cidades.

CONCLUSÃO

Conclui-se que foram vários os benefícios alcançados pela utilização do modelo didático simulando uma prática investigativa em que os alunos adquiriram conhecimentos científico e tecnológico relacionados à aplicação de enzimas de restrição para identificar as diferenças que caracterizam os cromossomos de aves machos e fêmeas. E além da caracterização dos cromossomos sexuais, os alossomos ZW, reconheceram que os genes que condicionam as três variedades de cores da plumagem, estavam localizados no cromossomo Z ocupando uma mesma posição.

Notaram, quando associaram os genótipos e fenótipos ilustrados, uma relação de dominância completa entre os genes responsáveis pela coloração da plumagem; o gene para coloração vermelha domina os demais, e o gene para coloração azul domina o gene para coloração marrom.

Perceberam que os pombos do sexo masculino, apresentaram seis tipos de genótipos: Z^vZ^v , Z^vZ^a , Z^aZ^m , Z^vZ^m , Z^vZ^a , Z^vZ^m ou Z^aZ^m , e as do sexo feminino, três: Z^vW , Z^aW ou Z^mW .

Cabe também destacar que o emprego dessa metodologia promoveu um estudo interdisciplinar entre a genética, biologia molecular e a matemática, podendo ter contribuído 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 com o aprendizado dos alunos e com a disseminação da interdisciplinaridade ao relatar os achados de uma pesquisa que objetivou desenvolver conceitos no conteúdo de ensino de genética ligada ao sexo através do uso desse modelo didático.

Também, foi observado que os alunos gostaram da experiência e que conseguiram aprender e compreender de maneira prática a interdisciplinaridade de conceitos que envolvem a herança ligada ao sexo das aves, como também suas aplicações na transmissão de informações genéticas. Assim, o uso do modelo proposto se mostrou uma metodologia eficiente para trabalhar conceitos e relações dentro do conteúdo de genética.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- 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.
- 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.
- 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.
- DE ANTÔNIO, E. S.; FRAGA, R. E.; TOMAZI, L. Sexagem molecular em araras vermelhas e Centros de Triagem de Animais Silvestres: Revisão. PUBVET, v. 15, p. 180, 2021.
- 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.

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.

FEARE, C. J. Pigeons: past, present and prerequisites for management. In: BRITISH PEST CONTROL ASSOCIATION CONFERENCE, 7, 1986, Proceedings...

FARIA, L. P.; CARRARA, L. A.; RODRIGUES, M. Sexual size dimorphism in henna-capped folige-gleaner *Hylocryptus rectirostris* (Wied) (Aves, Furnariidae). Revista Brasileira de Zoologia, v.24, 207-212, 2007.

GRIFFITHS, R.; DOUBLE, M. C.; ORR, K.; DAWSON, R. J. G. A DNA test to sex most birds. Molecular Ecology, 7(8), 1071–1075. 1998.

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.

JERONIMO, B. C. Caracterização da região MHM em aves: padrões diferenciais de metilação em machos e fêmeas. Dissertação (Mestrado em Ciências Biológicas (Genética) — Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Botucatu, SP, 2016.

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.

LABANHARE, L. L; PERRELLI, M. A. S. Percepções de um público leigo sobre a proliferação de pombos urbanos em Campo Grande, MS. Campo Grande, 2004, mimeo.

LABANHARE, L.L.; PERRELLI, M.A.S. Pombos urbanos: Biologia, Ecologia e métodos de controle populacional. Multitemas, Campo Grande - MS, n. 35, p. 225-235, dez. 2007.

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, 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.

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.

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T. Utilização prática de um modelo didático para estudo de polimorfismos da cor da pelagem de uma população de cães domésticos considerando dois loci. Revista Biodiversidade - v.23, n.4, 2024 - pág. 168 – 194.

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.

NETO, H. C.; NUNES, V. de F. P. A problemática dos pombos em áreas urbanas. Revista Vetores e Pragas, n. 3, p. 11-4, 1998.

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.

RASO, T. F.; WERTHER, K. Sexagem cirúrgica em aves silvestres. Arq. Bras. Med. Vet. Zootec., v.56, n.2, p.187-192, 2004.

SAMBROOK, J.; FRITSCH, E. F.; MANIATIS, T. Molecular cloning: a Laboratory manual. New York: CSHL Press, 1989.

SICK, H. Ornitologia brasileira. Rio de Janeiro: Nova Fronteira, 1997.

SIGRIST, T. Aves do Brasil: uma visão artística. São Paulo: Avis Brasilis, v. 2, 2006.

SHETTY, S.; KIRBY, P.; ZARKOWER, D.; GRAVES, J. A. M. DMRT1 in a ratite bird: evidence for a role in sex determination and discovery of a putative regulatory element. Cytogenetic and Genome Research, 99(1-4), 245–251. 2002.

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).

TAKAGI, N.; ITOH, M.; SASAKI, M. Chromosome studies in four species of Ratitae (Aves). Chromosoma, 36(3), 281–291. <<https://doi.org/10.1007/BF00283247>>, 1972.

ZOONOMEN – Zoological Nomenclature Resource.Birds of the World – current valid scientific avian names (Baseado em Sibley & Monroe and AOU checklist - 7 th ed). 2003.