

# **MODELO DIDÁTICO QUE SIMULA IMAGENS DE AUTORRADIOGRAFIAS DOS GEIS DE AGAROSE PARA CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DOS ALELOS RESPONSÁVEIS PELO PADRÃO DE PLUMAGEM NAS ASAS EM POMBOS**

*(Columba livia)*

Mauro Osvaldo Medeiros<sup>1</sup>

Sueli Maria Alves<sup>1</sup>

Marcelo Teiji Kimura<sup>2</sup>

**RESUMO:** A genética é a área da ciência dedicada ao estudo dos genes, buscando compreender sua natureza e funcionamento. Por exemplo, em um pombo (*Columba livia*), como em qualquer outro organismo, certas características fazem parte de sua aparência física; como os padrões fenotípicos da plumagem das asas: T - check; Check; Bar e Barless. Este estudo teve como propósito desenvolver materiais que ajudem na fixação de conceitos teóricos e práticos de genética relacionados à Biologia Molecular, ressaltando os resultados de autorradiografias da reação em cadeia da polimerase (PCR), seguidas de eletroforese em gel de agarose para identificar classes genotípicas que definem os padrões fenotípicos: T - check; Check; Bar e Barless, na plumagem das asas de pombos (*C. livia*). Foi fornecido um modelo educacional impresso em formato A4 para cada aluno, que ilustra hipoteticamente trinta autorradiografias do gel. Essas autorradiografias possibilitam a identificação de aves com plumagem de asas de genótipo homozigoto e heterozigoto, utilizando marcadores de massas moleculares de 35 pb, 55 pb, 83 pb e 88 pb, e apresentam os padrões fenotípicos: T – check, Check, Bar ou Barless. A análise concluiu que o uso do modelo educacional proposto traz diversos benefícios, servindo como um exemplo de pesquisa prática. Foi observada uma significativa ampliação do conhecimento ao longo do processo, evidenciando a eficácia do modelo em motivar os alunos. Isso aconteceu porque eles trabalharam com dados autênticos que coletaram, descobrindo maneiras de manipular esses dados para prever numericamente as frequências gênicas ou alélicas. Foi identificado que a presença dos quatro fenótipos de plumagem das asas, resulta da existência de quatro alelos distintos, dependentes de 10 combinações diferentes de genótipos.

**Palavras-chave:** Autoradiografias de eletroforese, genes alelos, fenótipo, genótipo, pombos.

**ABSTRACT:** Genetics is the field of science devoted to the study of genes, seeking to understand their nature and function. For example, in a pigeon (*Columba livia*), as in any other organism, certain characteristics are part of its physical appearance, such as the phenotypic patterns of wing plumage: T - check; Check; Bar and Barless. This study aimed to develop materials to help reinforce theoretical and practical genetic concepts related to Molecular Biology, highlighting the results of polymerase chain reaction (PCR) autoradiographs followed by agarose gel electrophoresis to identify genotypic classes that define the phenotypic patterns: T - check; Check; Bar and Barless, in the wing plumage of pigeons (*C. livia*). An educational model printed in A4 format was provided to each student, hypothetically illustrating thirty gel autoradiographs. These autoradiographs allow the identification of birds with homozygous and heterozygous genotype wing plumage, using molecular weight markers of 35 bp, 55 bp, 83 bp, and 88 bp, and present the phenotypic patterns: T – check, Check, Bar, or Barless. The analysis concluded that the use of the proposed educational model brings several benefits, serving as an example of practical research. A significant increase in knowledge was observed throughout the process, demonstrating the model's effectiveness in motivating students. This occurred because they worked with authentic data they collected, discovering ways to manipulate this data to numerically predict gene or allele frequencies. It was identified that the presence of the four wing plumage phenotypes results from the existence of four distinct alleles, dependent on 10 different genotype combinations.

**Keywords:** Electrophoresis autoradiographs, allele genes, phenotype, genotype, pigeons.

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

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

## INTRODUÇÃO

O ensino e a aprendizagem dos conteúdos de Genética costumam se concentrar nas funções dos genes, na herança e na diversidade de características entre os indivíduos. No entanto, devido à complexidade de termos e processos presentes nesse tema, os estudantes frequentemente enfrentam dificuldades de compreensão, o que pode impactar negativamente seus resultados em avaliações institucionais. Diante disso, é essencial que os professores empreguem metodologias inovadoras e adaptadas para promover uma maior assimilação por parte dos alunos, ajudando a evitar a desmotivação e contribuindo para um avanço significativo no ensino e na aprendizagem desse componente curricular (MEDEIROS, ALVES; KIMURA 2022; 2023; 2024; 2025).

Entre os inúmeros recursos pedagógicos disponíveis, os modelos e maquetes são amplamente utilizados no ensino de genética, especialmente porque essa disciplina envolve conceitos abstratos e elementos microscópicos que podem gerar dúvidas entre os estudantes. Nesse contexto, o processo de ensino-aprendizagem tem sido objeto de muitas discussões. Um ponto essencial dentro desse debate é a utilização de ferramentas didáticas pelos professores para facilitar a abordagem do conteúdo em sala de aula. Segundo Setúbal e Bejarano (2009), os recursos pedagógicos têm grande potencial para auxiliar na compreensão de temas que os alunos possam achar desafiadores. Assim, é responsabilidade do professor estabelecer um ambiente adequado para a aplicação desses recursos.

A genética é uma área da ciência dedicada ao estudo dos genes, com o objetivo de compreender sua natureza e funcionamento. No caso das características do pombo (*C. livia*), assim como em qualquer outro organismo alguns aspectos estão ligados à sua aparência física, como os padrões fenotípicos da plumagem das asas: T-check, Check, Bar e Barless. Durante esse estudo, dois conceitos fundamentais costumam ser utilizados: genótipo e fenótipo. Dessa forma, na biologia, estabelecer a relação entre genótipo e fenótipo é essencial para entender a complexidade genética envolvida na ampla diversidade de padrões e cores presentes na plumagem dos pombos.

O fenótipo é uma ferramenta essencial para analisar a variabilidade genética dentro de uma população e compreender sua capacidade de adaptação a diferentes condições ambientais. Por meio do estudo das variações fenotípicas entre os indivíduos de uma espécie, os cientistas conseguem obter insights sobre a diversidade genética e o processo evolutivo das populações ao longo do tempo. O fenótipo é formado pela expressão dos genes de um organismo, pela influência de fatores ambientais e pela interação entre ambos. Enquanto o genótipo refere-se ao conjunto de informações hereditárias armazenadas no genoma de um organismo, o fenótipo abrange características manifestadas que podem ser influenciadas por condições do ambiente e o desenvolvimento. Nem todos os indivíduos com o mesmo genótipo apresentam as mesmas características externas ou comportamentais, uma vez que elementos ambientais podem alterar essas manifestações. Da mesma forma, organismos com características similares não necessariamente compartilham o mesmo genótipo. Essa distinção entre genótipo e fenótipo foi introduzida por Wilhelm Johannsen em 1911 para separar claramente o conceito de hereditariedade daquilo que ela produz como resultado (CHURCHILL, 1974; JOHANNSEN, 1911).

A análise do fenótipo pode ser realizada por meio de diversas técnicas e abordagens, como a observação direta das características físicas dos organismos, o estudo de marcadores genéticos, a execução de testes laboratoriais e o uso de ferramentas computacionais para processamento de grandes volumes de dados. Dessa forma, compreender o fenótipo é fundamental para explorar os segredos relacionados à hereditariedade, à evolução e à adaptação dos organismos. Exames que analisam o DNA desempenham um papel crucial nesse processo,

pois fornecem informações sobre a composição genética que define o fenótipo de um indivíduo. Quando combinados com observações fenotípicas detalhadas, esses exames permitem aos pesquisadores identificar com maior precisão qual variante genética está associada à dominância ou à recessividade em um determinado contexto.

Entre as ferramentas educacionais disponíveis atualmente, as simulações e modelagens podem ser úteis para entender processos biológicos, permitindo que os alunos visualizem conceitos abstratos e aumentem suas chances de compreender e concretizar idéias relacionadas a conceitos já conhecidos ou aprendidos, tornando a aprendizagem mais eficaz e ajudando a promover uma melhor participação e engajamento dos estudantes nas atividades (EICHLER & DEL PINO, 2000; BARAB et al., 2000; MEDEIROS & MEDEIROS, 2002; GIACÓIA, 2006; TEMP & BARTHOLOMEI-SANTOS, 2013).

Com base nas abordagens dos autores Justina & Ferla (2006), Duso Vilhena et al. (2010 e 2012), Della & Ferla (2013), Medeiros et al. (2021 e 2022), e Medeiros, Alves e Kimura (2022; 2023; 2024; 2025), propomos um modelo didático que utiliza a coleta de dados por meio de representações em imagens, simulando autorradiografias de eletroforese. Este modelo tem como objetivo investigar a presença de múltiplos alelos responsáveis pela diversidade nos padrões fenotípicos da plumagem das asas de pombos.

A eletroforese em gel é uma técnica essencial no campo da biologia molecular, amplamente utilizada na análise de DNA, RNA e proteínas. Para a separação dessas biomoléculas, são utilizados géis de agarose ou poliacrilamida, conforme o método específico empregado. Este estudo teve como objetivo contribuir para a compreensão dos conceitos teóricos e práticos de genética relacionados à biologia molecular, com foco nos resultados obtidos por autoradiografias após a reação em cadeia da polimerase (PCR). Posteriormente, os produtos foram submetidos à eletroforese em gel de agarose para identificar classes genotípicas associadas aos padrões fenotípicos da plumagem das asas de pombos (*C. livia*), distinguindo entre os tipos T - check, Check, Bar e Barless.

## MATERIAL E MÉTODOS

O estudo foi realizado na Universidade Federal do município de Rondonópolis do Estado de Mato Grosso, utilizando-se do método quanti-qualitativo de natureza estruturada, destacando uma simulação prática de resultados das autoradiografias da reação em cadeia da polimerase (PCR) seguida de eletroforese em gel de agarose no diagnóstico genético-molecular e sua importância para a identificação das classes genotípicas associadas a múltiplos alelos que determinam o padrão fenotípico da plumagem entre asas de pombos (*C. livia*).

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.

A atividade foi resolvida através de uma sequência didática, dividida em duas aulas de 50 minutos cada uma. A atividade de investigação foi organizada em duas etapas, da seguinte forma:

A primeira aula (50 min) consistiu na introdução do tema discutido, permitindo que os estudantes se situassem, entendessem e se envolvessem com o assunto relacionado. Assim, os estudantes foram direcionados para a aprendizagem de genética ligado a biologia molecular, com o objetivo de adquirir conhecimentos teóricos sobre hereditariedade mendeliana clássica e a utilização de métodos de eletroforese em gel para detecção de variantes genéticas e padrões hereditários.

Na segunda aula, com duração de 50 minutos, foi realizado um experimento que simulava o diagnóstico genético-molecular, destacando resultados de autorradiografias da

reação em cadeia da polimerase (PCR) seguida de eletroforese em gel de agarose que permitiam identificar os genes alelos e as classes genotípicas que determinam o padrão relativo aos fenótipos: T - check; Check; Bar e Barless de plumagem de asas de pombos.

### O conteúdo histórico apresentado aos alunos

Os pombos pertencem à família Columbidae, que inclui 42 gêneros e 310 espécies. A mais comum é a *Columba livia*, espécie selvagem conhecida pelos nomes de pombo-comum, pombo-doméstico ou pombo-das-rochas. Nessa espécie de ave verifica-se uma grande variação no padrão da plumagem das asas, havendo exemplares com diferenças visíveis entre os fenótipos, causadas por mutações. A Figura 1, ilustra a vista lateral das asas com padrão: T - check; Check; Bar e Barless. Os outros padrões são devidos a variações genéticas naturais, que foram selecionadas e propagadas por criadores.

#### Padrão 1. T-check

São os pombos que apresentam plumagem característica escura nas asas distintamente com ausência do padrão quadriculado xadrez e de faixas ou listras.

#### Padrão 2. Cheque

Pombo que apresentam distintamente asas com plumagem característica quadriculada (padrão xadrez) e listras ou faixas verticais e horizontais alternadas.

#### Padrão 3. Bar

Pombos que apresentam distintamente plumagem das asas caracterizada por barras escuras e ausência do padrão quadriculado xadrez. Esse padrão de asas é considerado "tipo selvagem", porque era o padrão no ancestral selvagem para pombos domésticos.

#### Padrão 4. Barless

Pombos que apresentam distintamente plumagem das asas caracterizada por ausência de barras e do padrão quadriculado xadrez. É considerado o padrão de asa mais raro, disponível em apenas um pequeno número de raças.

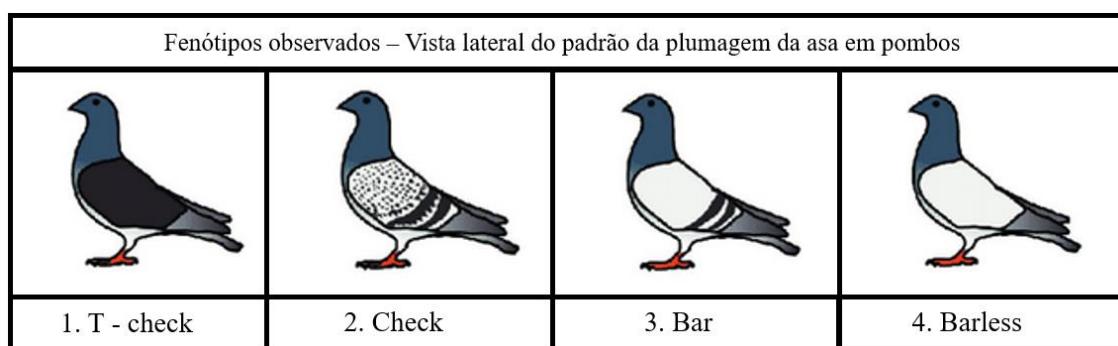


Figura 1. Fenótipos das variações de padrão de plumagem das asas: T - check; Check; Bar e Barless, gerados pela expressão dos múltiplos alelos.

### Modelo didático: Figuras 1, 2, 3, 4, 5 e 6.

Previvamente, foram entregues a cada estudante as Figuras 1, 2, 3, 4, 5 e 6 impressas em papel A4, as quais simulavam imagens que representam os resultados da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) acompanhada pela eletroforese em gel de agarose.

Assim, a primeira, segunda, terceira e quarta linhas (Figuras 1, 2, 3, 4, 5 e 6), simulavam o padrão eletroforético de todas as aves envolvidas, onde os fragmentos de DNA se distribuem em faixas ou bandas (terceira coluna), por ordem de tamanho pb (segunda coluna). Cada uma das 5 colunas verticais seguintes referem-se a uma amostra de DNA, para comparação, simulando o padrão eletroforético do DNA das aves (04, 08, 16, 21, 23 e 29) T - Check; (02, 05, 06, 11, 14, 24, 26 e 28) Check; (03, 07, 10, 12, 13, 17, 18, 20, 22, 25 e 27) Bar e (09, 15, 19 e 30) Barless, onde os fragmentos de DNA se distribuem em faixas por ordem de tamanho, em baixo (menor) e em cima (maior), possuindo apenas diferenças no seu comprimento, e que são herdados de maneira mendeliana, sendo que, cada um desses fragmentos pode ser chamado de alelo.

Dessa forma, cada pombo possui um conjunto único de marcadores moleculares que é transmitido por seus antecessores. Em resumo, podemos afirmar que esses agrupamentos de marcadores moleculares correspondem aos genes presentes em um pombo, sendo herdados de forma mendeliana. Assim, podemos nos referir a isso como genótipo, um termo que designa a composição genética de um organismo. Assim, a localização da faixa na primeira, segunda, terceira ou quarta linhas determina a composição genética de cada pombo, mostrando variações de padrão de plumagem nas asas: T - check; Check; Bar e Barless, resultantes da atividade de diversos alelos.

Segundo Torggler et al. (1995), antes do uso da eletroforese o estudo da variação genética em populações naturais era limitado, pois dependia da identificação de mutantes recessivos raros, que, quando em homozigose, apresentavam mudanças morfológicas visíveis.

Com técnicas de biologia molecular tornou-se possível verificar a presença ou não de certas regiões de interesse na fita de DNA. Cada uma dessas regiões recebe o nome de marcador, uma vez que pode ser associada com algum fenótipo em particular como no caso dos fenótipos da plumagem das asas em pombos. A presença do marcador no genoma de um pombo pode ser visualizado como uma banda (35 pb, 55 pb, 83 pb e 88 pb). Dessa forma, podemos descobrir se um pombo poderá apresentar a característica da plumagem das asas de constituição homozigota ou heterozigota com padrão fenotípico: T – check, Check, Bar ou Barless, pela análise de seus marcadores. As Figuras 2 a 7, representam a análises de marcadores de DNA de 30 pombos: T - Check (04, 08, 16, 21, 23 e 29); Check (02, 05, 06, 11, 14, 24, 26 e 28); Bar (03, 07, 10, 12, 13, 17, 18, 20, 22, 25 e 27) e Barless (09, 15, 19 e 30). Apenas a presença de uma banda é indicativa positiva para o indivíduo apresentar um fenótipo com genótipo homozigoto (dominante ou recessivo) e de duas bandas, um fenótipo com genótipo heterozigoto. Esses marcadores ocupam o mesmo loco e ilustram os genes que são as unidades moleculares da hereditariedade dos organismos, utilizado pela comunidade científica para definir as regiões do DNA e do RNA que codificam as características fenotípicas.

Fenótipos de Asas							
Identificação	Pb	Bandas	01	02	03	04	05
Marcadores Moleculares	88						
	83						
	55						
	35						

Figura 2. Modelo didático confeccionado com perspectivas de utilização no processo de ensino e aprendizagem de genética, ilustrando hipoteticamente 5 autorradiografias do gel que permitem identificar através dos marcadores de massa molecular 35, 55, 83 e 88 pb, aves portadoras de plumagem das asas correspondente à constituição homozigotas e heterozigotas com padrão fenotípico: T – check, Check, Bar ou Barless. (Fonte: Os autores, 2023).

Fenótipos de Asas							
Identificação	Pb	Bandas	06	07	08	09	10
Marcadores Moleculares	88						
	83						
	55						
	35						

Figura 3. Modelo didático confeccionado com perspectivas de utilização no processo de ensino e aprendizagem de genética, ilustrando hipoteticamente 5 autorradiografias do gel que permitem identificar através dos marcadores de massa molecular 35, 55, 83 e 88 pb, aves portadoras de plumagem das asas correspondente à constituição homozigotas e heterozigotas com padrão fenotípico: T – check, Check, Bar ou Barless. (Fonte: Os autores, 2023).

Fenótipos de Asas							
Identificação	Pb	Bandas	11	12	13	14	15
Marcadores Moleculares	88						
	83						
	55						
	35						

Figura 4. Modelo didático confeccionado com perspectivas de utilização no processo de ensino e aprendizagem de genética, ilustrando hipoteticamente 5 autorradiografias do gel que permitem identificar através dos marcadores de massa molecular 35, 55, 83 e 88 pb, aves portadoras de plumagem das asas

correspondente à constituição homozigotas e heterozigotas com padrão fenotípico: T – check, Check, Bar ou Barless. (Fonte: Os autores, 2023).

Fenótipos de Asas							
Identificação	Pb	Bandas	16	17	18	19	20
Marcadores Moleculares	88	[ ]		[ ]	[ ]		[ ]
	83	[ ]	[ ]				
	55	[ ]	[ ]				
	35	[ ]		[ ]		[ ]	[ ]

Figura 5. Modelo didático confeccionado com perspectivas de utilização no processo de ensino e aprendizagem de genética, ilustrando hipoteticamente 5 autorradiografias do gel que permitem identificar através dos marcadores de massa molecular 35, 55, 83 e 88 pb, aves portadoras de plumagem das asas correspondente à constituição homozigotas e heterozigotas com padrão fenotípico: T – check, Check, Bar ou Barless. (Fonte: Os autores, 2023).

Fenótipos de Asas							
Identificação	Pb	Bandas	21	22	23	24	25
Marcadores Moleculares	88	[ ]	[ ]	[ ]		[ ]	[ ]
	83	[ ]	[ ]				
	55	[ ]				[ ]	[ ]
	35	[ ]		[ ]	[ ]		[ ]

Figura 6. Modelo didático confeccionado com perspectivas de utilização no processo de ensino e aprendizagem de genética, ilustrando hipoteticamente 5 autorradiografias do gel que permitem identificar através dos marcadores de massa molecular 35, 55, 83 e 88 pb, aves portadoras de plumagem das asas correspondente à constituição homozigotas e heterozigotas com padrão fenotípico: T – check, Check, Bar ou Barless. (Fonte: Os autores, 2023).

Fenótipos de Asas							
Identificação	Pb	Bandas	26	27	28	29	30
Marcadores Moleculares	88	[ ]		[ ]	[ ]	[ ]	
	83	[ ]				[ ]	
	55	[ ]	[ ]		[ ]		
	35	[ ]					[ ]

Figura 7. Modelo didático confeccionado com perspectivas de utilização no processo de ensino e aprendizagem de genética, ilustrando hipoteticamente 5 autorradiografias do gel que permitem identificar

**através dos marcadores de massa molecular 35, 55, 83 e 88 pb, aves portadoras de plumagem das asas correspondente à constituição homozigotas e heterozigotas com padrão fenotípico: T – check, Check, Bar ou Barless. (Fonte: Os autores, 2023).**

### **Estratégia para o reconhecimento dos Genes Alelos**

No caso, para a identificação dos genes e das classes genotípicas, baseou-se em um único parâmetro: foram verificados os marcadores de massas moleculares 35 pb, 55 pb, 83 pb e 88 pb, que são compartilhadas entre os perfis genéticos (bandas) previamente obtidos, levando-se em consideração as classes fenotípicas das amostras 01 a 05 (Figura 1), 06 a 10 (Figura 2), 11 a 15 (Figura 3), 16 a 20 (Figura 4), 21 a 25 (Figura 5) e 26 a 30 (Figura 6).

Assim, deve-se fazer a comparação entre as bandas de DNA nas quatro linhas das 30 colunas, verificando-se em cada coluna, se os marcadores que são obrigatórios com as massas moleculares 35 pb, 55 pb, 83 pb e 88 pb estão presentes no perfil de cada pombo portador de cada padrão de plumagem das asas, com as classes fenotípicas: T - check; Check; Bar e Barless (banda) e se são coincidentes. Desse modo, o padrão das asas: T - check; Check; Bar e Barless serão caracteres biológicos, que poderão ser comprovados pelo exame de identificação das massas moleculares 35 pb, 55 pb, 83 pb e 88 pb (Gene) que é muito útil para solucionar a investigação, já que se baseiam na identificação de marcas genéticas que são herdadas.

Considerando que uma ave apresenta um par de cada cromossomo (um deles de origem paterna e o outro de origem materna), ela 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).

Assim, para a realização da atividade dispomos aos estudantes uma representação figural/simbólica/numérica ilustrando hipoteticamente 30 autorradiografias do gel que permitem identificar através dos marcadores de massa molecular (bandas), os padrões de asas, Barless, Check, T – check e Bar que simbolicamente apresentam diferenças fenotípicas influenciadas, respectivamente, pelas massas moleculares 35 pb, 55 pb, 83 pb e 88 pb.

Através da análise do perfil eletroforético esquematizado (Figuras 2, 3, 4, 5, 6 e 7), foram construídas tabelas, associando cada ave a um padrão com uma ou duas bandas (marcadores moleculares) de DNA, cada uma das bandas representando um alelo do mesmo gene. Também a frequência e porcentagem foi calculada, apresentando informações quanto aos genes alelos, classes fenotípicas e classes genotípicas.

### **Como avaliar a variação genética**

Para a análise do caráter, foi realizada observações das características fenotípicas visíveis de asas com padrão fenotípico: T – check, Check, Bar ou Barless, amostras: (01, 02, 03, 04 e 05); (06, 07, 08, 09 e 10); (11, 12, 13, 14 e 15); (16, 17, 18, 19 e 20); (21, 22, 23, 24 e 25) e (26, 27, 28, 29 e 30), respectivamente, Figuras 2, 3, 4, 5, 6 e 7. Observou-se o fenótipo a nível molecular, e o genótipo foi inferido de acordo com sua constituição homozigota ou heterozigota identificadas por eletroforese demonstrado pela representação dos marcadores (bandas ou alelos) iguais (homozigoto) ou diferentes (heterozigoto), de massa molecular 35 pb, 55 pb, 83 pb e 88 pb, respectivamente, variantes que diferenciam os padrões de plumagem das asas dos pombos: Barless, Check, T – check e Bar.

## RESULTADO E DISCUSSÃO

De acordo com Beiguelman (2008); Amabis & Martho (2010); Griffiths et al. (2016) os genes estão localizados em estruturas chamadas cromossomos. Os pombos normalmente têm 40 pares de cromossomos. Eles herdam um cromossomo de cada par, juntamente com os genes contidos em cada cromossomo dos ascendentes, mãe e pai. Os pares cromossômicos 1 a 39 são conhecidos como cromossomos autossônicos ou não-sexuais. O par de cromossomos número 40 é conhecido como cromossomos alossomos ou sexuais, e uma das suas funções é determinar o sexo.

Quando analisamos as autoradiografias do gel no modelo didático (Figuras 2 a 7), podemos tirar conclusões sobre alguns pontos básicos, tais como se o gene que determina o fenótipo das variações do padrão de plumagem das asas (T – check, Check, Bar ou Barless) está em um cromossomo autossomo ou sexual e se essa determinada característica é recessiva ou dominante. Dessa forma, em um mesmo cromossomo há informação para determinação de mais de uma característica física de uma mesma ave. Assim, em cada par de cromossomos, existem duas cópias pareadas de cada gene, uma herdado do pai e outra da mãe. Portanto, os descendentes herdam um gene de cada ascendente.

Desse modo, observou-se que cada fenótipo de padrão de plumagem das asas (T – check, Check, Bar ou Barless) tem uma combinação genética exclusiva, o que permite uma diferenciação entre eles. Portanto, para podermos conhecer o par de genes alelos que identifica a classe genotípica associada a cada fenótipo de asas em cada uma das 30 colunas (Tabelas 2 a 7), foi necessário combinar as bandas de cada uma das quatro linhas nas cinco colunas das Figuras 2 a 7 e Tabelas 2 a 7. Cada banda de uma mesma linha, contém um fragmento de DNA do mesmo tamanho. Dessa forma, ao analisar as bandas de massas moleculares de 35 pb, 55 pb, 83 pb e 88 pb em comparação umas com as outras, pode-se concluir que não há evidência de conexão biológica entre essas aves. Sendo justamente essas bandas que fazem nesse caso, os pombos geneticamente diferentes em relação ao padrão fenotípico da plumagem das asas: Barless, Check, T – check e Bar.

Na análise das classes genotípicas a partir das amostras das aves 03 (Tabela 2), 10 (Tabela 3), 12 (Tabela 3), 18 (Tabela 4) e 27 (Tabelas 7), onde os fenótipos da plumagem das asas são caracterizados por listras escuras e a ausência do padrão quadriculado, a investigação se concentrou unicamente no marcador molecular da primeira linha, que apresenta uma massa molecular de 88 pb. Essa análise ressalta a variedade alélica do fenótipo Bar, representado por genótipos homozigotos (88/88 pb), que resulta em uma única banda no gel (88 pb). Essa banda não apresenta homologia com o DNA da amostra da ave 08, que possui o fenótipo T – Check, nem com as amostras das aves 06 e 26, que também exibem o fenótipo Check, e igualmente não se relaciona com as amostras das aves 09, 15, 19 e 30, que têm fenótipos Barless. Isso sugere que as asas das aves das amostras 03, 10, 12, 18 e 27 contêm um par de alelos homozigotos  $c^{ba}c^{ba}$ , que são diferentes dos das demais amostras, ou seja, elas apresentam diferenças genéticas, com variações em suas sequências de DNA.

Dessa forma, essa metodologia de análise permite que, sempre que for possível observar apenas um marcador molecular (banda) na coluna de cada linha, se assegure que se refere a pombos com plumagem de asas associadas às classes genotípicas homozigotas. De acordo com Butler (2005) o conceito de heterozigose diz respeito à existência de dois alelos diferentes (genótipo heterozigoto), enquanto a homozigose se relaciona à presença de dois alelos iguais (genótipo homozigoto). Já o polimorfismo se refere à existência de mais de um alelo de um gene ou trecho de DNA em uma população; um lócus é classificado como polimórfico quando o seu alelo mais prevalente tem uma frequência igual ou inferior a 99% (CAVALLI-SFORZA et al., 1994).

Em relação à ave da amostra 08, que não apresenta o padrão quadriculado característico na plumagem das asas, nota-se a ausência de faixas ou listras. Esse fenômeno está ligado a um único marcador molecular da segunda linha, com uma massa molecular de 83 pb. Isso evidencia a variabilidade alélica do fenótipo T - check, uma vez que os indivíduos possuem o genótipo homozigoto (83/83 pb) e exibem apenas uma banda no gel de 83 pb. Essa banda inicial não possui homologia no DNA com as bandas das amostras das aves 03 (Tabela 2), 10 (Tabela 3), 12 (Tabela 4), 18 (Tabela 5) e 27 (Tabela 7), que mostram o fenótipo Bar. Além disso, não se assemelha às amostras das aves 06 (Tabela 3) e 26 (Tabela 7) com fenótipo Check, nem às das aves 09 (Tabela 3), 15 (Tabela 4), 19 (Tabela 5) e 30 (Tabela 7), que têm fenótipos Barless. Isso sugere que a ave da amostra 08 (Tabela 3) contém um par de alelos homozigotos  $c^T c^T$ , que são diferentes dos encontrados nas outras amostras citadas, revelando, assim, a presença de variações genéticas nas características da sequência de DNA.

Foi observado que as amostras das aves de número 06 (Tabela 3) e 26 (Tabela 7), que apresentam plumagem das asas com um padrão quadriculado (estilo xadrez) e listras ou faixas verticais e horizontais em alternância, estão associadas a apenas um marcador molecular da terceira linha, que se apresenta com (pb) uma massa molecular de 55 pb. Isso revela a variação alélica do fenótipo Check, caracterizando-as como portadoras do genótipo homozigoto (55/55 pb) e exibindo apenas uma banda no gel (55 pb). Vale ressaltar que esta terceira banda não possui homologia com o DNA da amostra da ave 08 (Tabela 3), que apresenta o fenótipo T - Check, nem com as amostras das aves 03 (Tabela 2), 10 (Tabela 3), 12 (Tabela 4), 18 (Tabela 5) e 27 (Tabela 7), que apresentam o fenótipo Bar, assim como não se relaciona com as amostras das aves 06 (Tabela 3) e 26 (Tabela 7) do fenótipo Check, nem com aquelas das aves 09 (Tabela 3), 15 (Tabela 4), 19 (Tabela 5) e 30 (Tabela 7) que têm fenótipos Barless. Isso indica que as amostras 06 (Tabela 3) e 26 (Tabela 7) possuem um par de alelos homozigotos  $c^{ch} c^{ch}$ , que são distintos dos que aparecem nas demais amostras mencionadas, ou seja, existem diferenças genéticas que resultam em variações nas características da sequência de DNA.

Além disso, observou-se que nas amostras das aves 09 (Tabela 3), 15 (Tabela 4), 19 (Tabela 5) e 30 (Tabela 7), os fenótipos com um padrão de plumagem de asas que se caracteriza pela falta de barras e do padrão quadriculado conhecido como Barless, apresentando uma distribuição uniforme de pigmento por quase toda a superfície da asa, estão associados a um único marcador molecular da quarta linha que exibe, em pb, uma massa molecular de 35. Isso evidencia a variação alélica do fenótipo Barless, que possui o genótipo homozigoto (35/35 pb) e exibe apenas uma banda no gel (35 pb). Essa quarta banda não tem homologia com o DNA das amostras das aves 03 (Tabela 2), 10 (Tabela 3), 12 (Tabela 4), 18 (Tabela 5) e 27 (Tabela 7), que apresentam o fenótipo Bar, nem com a amostra da ave 08 (Tabela 3), que tem o fenótipo T - Check, ou com as amostras das aves 06 (Tabela 3) e 26 (Tabela 7), que possuem o fenótipo Check e com as demais amostras. Isso implica que aves das amostras 09 (Tabela 3), 15 (Tabela 4), 19 (Tabela 5) e 30 (Tabela 7) carregam um par de alelos homozigotos  $c^S c^S$ , distintos dos das outras amostras mencionadas, indicando que elas são geneticamente diferentes e contêm variações nas características da sequência de DNA.

Dessa forma, percebeu-se que cada fenótipo possui uma composição genética distinta, o que possibilitou a sua diferenciação. Assim, ao relacionarmos os marcadores moleculares que refletem a condição fenotípica da plumagem das asas de cada ave, constatamos que esses marcadores ou bandas (genes) observados facilitaram fazer a associação com as classes genotípicas homozigotas e também identificar qual alelo é responsável por manifestar as características fenotípicas: T - check; Check; Bar e Barless.

De acordo com os autores Gardner & Snustad (1986); Griffiths et al. (2016), o genótipo é a composição genética formada pelo conjunto de alelos presentes em um indivíduo, que foram herdados de seus pais. É comum representar o genótipo, mais especificamente os alelos de um determinado gene, pela combinação de uma ou mais letras e números. Já o fenótipo é o conjunto

de características observáveis, sejam elas morfológicas, bioquímicas ou fisiológicas. Assim, a Tabela 1, ilustra as características fenotípicas: T - check; Check; Bar e Barless, identificadas, respectivamente, pelas expressões dos genes alelos:  $C^T$ ,  $c^{ch}$ ,  $c^{ba}$  e  $c^s$ .

**Tabela 1.** Fenótipos das variações de padrão de plumagem das asas: T - check; Check; Bar e Barless, gerados pela expressão dos múltiplos alelos ( $C^T$ ,  $c^{ch}$ ,  $c^{ba}$  e  $c^s$ ).

Asas (Vista lateral)	Variações de padrão de plumagem das asas gerados pela expressão de múltiplos alelos			
Fenótipo	1. T - check	2. Check	3. Bar	4. Barless
Genes (alelos)	$C^T$	$c^{ch}$	$c^{ba}$	$c^s$

As Tabelas 2 a 7 foram criadas para que os alunos coletassem e mostrassem os resultados da análise genética a partir de 30 autoradiografias do gel, conforme descrito nos modelos educacionais (Figuras 2 a 7). Eles eram instruídos a inserir os resultados da análise genética examinada, levando em conta as variações fenotípicas impelidas, respectivamente, pelas bandas de massas moleculares de 35 pb, 55 pb, 83 pb e 88 pb.

Nesse sentido, ao compararmos as bandas de massas moleculares de 35 pb, 55 pb, 83 pb e 88 pb correspondentes às aves 01, 02, 03, 04 e 05 (Tabela 2), podemos observar a representação esquemática dos géis de agarose, exibindo bandas de marcadores de massa molecular; ave (01) apresenta-se como heterozigota devido à presença de duas bandas, uma com 88 pb e outra com 35 pb; ave (02) caracteriza-se como heterozigota com uma banda de 55 pb e outra de 58 pb; ave (03) é homozigota com ambas as bandas medindo 88 pb; ave (04) é heterozigota com uma banda de 83 pb e outra de 55 pb; e ave (05) é heterozigota com uma banda de 55 pb e outra de 35 pb.

Os marcadores que numeram as bandas com massas moleculares de 35 pb, 55 pb, 83 pb e 88 pb provenientes dos pombos (Tabelas 2) auxiliaram na identificação dos genótipos. Assim, ao correlacionar as bandas de cada linha com as colunas que indicam o fenótipo de cada pombo, conseguimos reconhecer os genes que determinam o seu genótipo.

Dessa forma, observamos que os pombos 01, 02, 04 e 05 mostraram, de acordo com os marcadores moleculares, duas bandas de DNA com características distintas. O pombo 01 indicou um padrão fenotípico do tipo Bar, o pombo 02 do tipo Check, o pombo 04 do tipo T – check, e o pombo 05 do tipo Check. Ao examinarmos qual fenótipo é dominante e qual é recessivo, notamos que os pombos 01 e 05 não apresentam o fenótipo vinculado à banda 35 Pb. Esta banda, que está na quarta posição da coluna de marcadores moleculares, revela o alelo ( $c^s$ ), que é responsável pelo tipo Barless, mas os pombos não exibem essa característica.

De forma semelhante, ao examinarmos os pombos 02 e 04, notamos que o pombo 02 não exibe o fenótipo relacionado à banda (88 pb), que na primeira posição da coluna dos marcadores moleculares indica o alelo ( $c^{ba}$ ), que está associado ao tipo Bar. Por sua vez, o pombo 04 também não apresenta o fenótipo correspondente à banda (55 pb), que na terceira posição da coluna dos marcadores moleculares aponta para o alelo ( $c^{ch}$ ), responsável pelo tipo Check. Assim sendo, quando os pombos são heterozigotos, eles não demonstram o fenótipo decorrente do alelo recessivo, como acontece com os pombos 01, 02, 04 e 05. Portanto, esses pombos mostram seu fenótipo com duas variantes distintas do gene. Dessa maneira, os pombos 01, 02, 04 e 05 serão designados, em ordem, como heterozigotos nas classes genotípicas  $c^{ba}c^s$ ,  $c^{ch}c^{ba}$ ,  $c^Tc^{ch}$  e  $c^{ch}c^s$ .

**Tabela 2.** Autorradiografias do gel que ajudam identificar, usando os marcadores de massa molecular 35, 55, 83 e 88 pb, qual é a constituição genotípica dos pombos que possuem asas com plumagem padrão fenotípico: T – check, Check, Bar ou Barless. (Fonte: Os autores, 2023).

Fenótipos de Asas							
Identificação	Pb	Bandas	01	02	03	04	05
Marcadores Moleculares	88	██████	██████	██████	██████		
	83	██████				██████	
	55	██████		██████		██████	██████
	35	██████	██████				██████
Fenótipos			Bar	Check	Bar	T - check	Check
Possíveis alelos			88/35	55/88	88/88	83/55	55/35
Genótipos			c <sup>ba</sup> c <sup>s</sup>	c <sup>ch</sup> c <sup>ba</sup>	c <sup>ba</sup> c <sup>ba</sup>	C <sup>T</sup> c <sup>ch</sup>	c <sup>ch</sup> c <sup>s</sup>

Na Tabela 3, ao analisarmos as bandas de massas moleculares de 35 pb, 55 pb, 83 pb e 88 pb referentes às aves 06, 07, 08, 09 e 10 (Figura 3), observamos a representação esquemática dos géis de agarose com bandas de marcador de massa molecular; a ave 06 é homozigota, apresentando duas bandas de 55 pb; a ave 07 é heterozigota, mostrando duas bandas, uma de 88 pb e outra de 35 pb; a ave 08 é homozigota, com duas bandas de 83 pb; a ave 09 é homozigota com ambas bandas de 35 pb e a ave 10 é homozigota com as duas bandas de 88 pb.

Assim, notamos que o pombo 07 apresentou, em sua análise de marcadores moleculares, duas bandas de DNA distintas, sugerindo que possui asas com o padrão fenotípico do tipo Bar. Ao examinarmos qual gene exerce dominância e qual é recessivo, percebemos que o pombo 07 não apresenta o fenótipo correspondente à banda de 35 pb. Esta banda, localizada na quarta posição da coluna de marcadores moleculares, representa o alelo (c<sup>s</sup>), que está ligado ao tipo Barless, mas como o pombo 07 não exibe essa característica, conclui-se que o gene c<sup>ba</sup>, responsável pelas asas do tipo Bar, é dominante em relação ao gene c<sup>s</sup> que determina o tipo de asas Barless.

Portanto, quando os pombos são heterozigotos, eles não apresentam o fenótipo relacionado ao alelo recessivo, como no caso do pombo 07. Esse pombo, portanto, apresenta duas variantes do gene. Assim, podemos classificar o pombo 07 como heterozigoto na categoria genotípica c<sup>ba</sup>c<sup>s</sup>. As aves 06, 08, 09 e 10 serão identificadas, respectivamente, como homozigotas nas categorias genotípicas c<sup>ch</sup>c<sup>ch</sup>, c<sup>T</sup>c<sup>T</sup>, c<sup>s</sup>c<sup>s</sup> e c<sup>ba</sup>c<sup>ba</sup>.

**Tabela 3.** Autorradiografias do gel que ajudam identificar, usando através dos marcadores de massa molecular 35, 55, 83 e 88 pb, qual é a constituição genética dos pombos que possuem plumagem das asas com padrão fenotípico: T – check, Check, Bar ou Barless. (Fonte: Os autores, 2023).

Fenótipos de Asas							
Identificação	Pb	Bandas	06	07	08	09	10
Marcadores Moleculares	88						
	83						
	55						
	35						
Fenótipos			Check	Bar	T - check	Barless	Bar
Possíveis alelos			55/55	88/35	83/83	35/35	88/88
Genótipos			c <sup>ch</sup> c <sup>ch</sup>	c <sup>ba</sup> c <sup>s</sup>	C <sup>T</sup> C <sup>T</sup>	c <sup>s</sup> c <sup>s</sup>	c <sup>ba</sup> c <sup>ba</sup>

Na Tabela 4, ao analisarmos as bandas de massas moleculares de 35 pb, 55 pb, 83 pb e 88 pb das aves 11, 12, 13, 14 e 15 (Figura 4), observamos um esquema dos géis de agarose que revela as bandas dos marcadores de massa molecular; a ave 11 é homozigota com duas bandas de 55 pb; a ave 12 é heterozigota, apresentando bandas de 83 pb e 88 pb; a ave 13 também é heterozigota, com bandas de 88 pb e 35 pb; a ave 14 é heterozigota, com bandas de 55 pb e 35 pb; e a ave 15 é homozigota, mostrando as duas bandas de 35 pb.

Portanto, ficou evidente que os pombos 11, 13 e 14, em relação aos marcadores moleculares, exibem duas bandas diferentes de DNA; o pombo 11 corresponde ao fenótipo das asas do tipo Check, o pombo 13 é do tipo Bar, e o pombo 14 é do tipo Check. Ao investigarmos quais fenótipos predominam ou são recessivos, notamos que esses três pombos (11, 13 e 14) não apresentam o fenótipo vinculado à banda de 35 pb. Essa banda, que ocupa a quarta posição na coluna dos marcadores moleculares, representa o alelo (c<sup>s</sup>), que é responsável pela característica Barless, mas os pombos não demonstram essa característica.

Assim, quando os pombos têm genótipos heterozigotos, não manifestam o fenótipo decorrente do alelo recessivo, como é o caso dos pombos 11, 13 e 14, que, portanto, possuem duas variantes do gene. Dessa maneira, esses pombos serão classificados como heterozigotos nas combinações genéticas c<sup>ch</sup>c<sup>s</sup>, c<sup>ba</sup>c<sup>s</sup> e c<sup>ch</sup>c<sup>s</sup>. Já os pombos 12 e 15 serão reconhecidos como homozigotos nas classes genéticas c<sup>ba</sup>c<sup>ba</sup> e c<sup>s</sup>c<sup>s</sup>, respectivamente.

**Tabela 4.** Autorradiografias do gel que ajudam identificar, usando marcadores de massa molecular 35, 55, 83 e 88 pb, qual é a constituição genotípica dos pombos que possuem plumagem das asas com padrão fenotípico: T – check, Check, Bar ou Barless. (Fonte: Os autores, 2023).

Fenótipos de Asas							
Identificação	Pb	Bandas	11	12	13	14	15
Marcadores Moleculares	88						
	83						
	55						
	35						
Fenótipos			Check	Bar	Bar	Check	Barless
Possíveis alelos			55/35	88/88	88/35	55/35	35/35
Genótipos			c <sup>ch</sup> c <sup>s</sup>	c <sup>ba</sup> c <sup>ba</sup>	c <sup>ba</sup> c <sup>s</sup>	c <sup>ch</sup> c <sup>s</sup>	c <sup>s</sup> c <sup>s</sup>

Na Tabela 5, ao fazermos uma análise comparativa das bandas de massas moleculares de 35 pb, 55 pb, 83 pb e 88 pb relacionadas às aves 16, 17, 18, 19 e 20 (Figura 5), notamos a representação esquemática dos géis de agarose, que evidencia as bandas de marcadores de massa molecular. A ave (16) é heterozigota, pois apresenta duas bandas, uma de 83 pb e outra de 55 pb; a ave (17) também é heterozigota, com uma banda de 88 pb e outra de 35 pb; a ave (18) é homozigota, com ambas as bandas medindo 88 pb; a ave (19) é homozigota, apresentando ambas as bandas de 35 pb; e a ave (20) é heterozigota com uma banda de 88 pb e outra de 35 pb.

Dessa forma, podemos concluir que os pombos 16, 17 e 20, segundo os dados dos marcadores moleculares, têm duas bandas de DNA com características diferentes. O pombo 16 revela um fenótipo de asas do tipo Check, enquanto os pombos 17 e 20 são classificados como tipo Bar. Ao analisar qual fenótipo é dominante e qual é o recessivo, percebemos que o pombo 16 não apresenta o fenótipo associado à banda de 55 pb. Essa banda, que ocupa a terceira posição na coluna de marcadores moleculares, representa o alelo ( $c^{ch}$ ), responsável pelo padrão Check. Da mesma maneira, os pombos 17 e 20 não mostram o fenótipo relacionado à banda de 35 pb. Esta, posicionada na quarta posição da coluna de marcadores moleculares, indica o alelo ( $c^s$ ), que está vinculado ao tipo Barless. Portanto, tanto o pombo 16 quanto os pombos 17 e 20 não demonstram as características associadas aos genes  $c^{ch}$  e  $c^s$ , respectivamente. Assim, nos casos em que os pombos são heterozigotos, eles não manifestam o fenótipo correspondente ao alelo recessivo, como é o caso dos pombos 16, 17 e 20. Consequentemente, esses pombos apresentam duas variantes do gene. Eles serão então considerados como de genótipos heterozigotos nas categorias genotípicas  $c^Tc^{ch}$ ,  $c^{ba}c^s$  e  $c^{ba}c^{ch}$ . Por outro lado, os pombos 18 e 19 são identificados como homozigotos nas categorias genotípicas  $c^{ba}c^{ba}$  e  $c^sc^s$ .

**Tabela 5.** Autorradiografias do gel que ajudam identificar, através dos marcadores de massa molecular 35, 55, 83 e 88 pb, qual é a constituição genotípica dos pombos que possuem plumagem das asas com padrão fenotípico: T – check, Check, Bar ou Barless. (Fonte: Os autores, 2023).

Fenótipos de Asas							
Identificação	Pb	Bandas	16	17	18	19	20
Marcadores Moleculares	88	██████		██████	██████		██████
	83	██████	██████				
	55	██████	██████				
	35	██████		██████		██████	██████
Fenótipos			T - check	Bar	Bar	Barless	Bar
Possíveis alelos			83/55	88/35	88/88	35/35	88/35
Genótipos			C <sup>T</sup> c <sup>ch</sup>	c <sup>ba</sup> c <sup>s</sup>	c <sup>ba</sup> c <sup>ba</sup>	c <sup>s</sup> c <sup>s</sup>	c <sup>ba</sup> c <sup>s</sup>

Na Tabela 6, quando observamos comparativamente as bandas de massas moleculares 35 pb, 55 pb, 83 pb e 88 pb referentes as aves 21, 22, 23, 24 e 25 (Figura 6), verificamos a representação esquemática do géis de agarose mostrando bandas de marcador de massa molecular; ave (21) heterozigota devido a presença de duas bandas uma de 83 pb e outra de 88 pb; ave (22) heterozigota devido a presença de duas bandas uma de 83 pb e outra de 35 pb; ave (24) heterozigota devido a presença de duas bandas uma de 55 pb e outra de 88 pb e ave (25) heterozigota devido a presença de duas bandas uma de 88 pb e outra de 35 pb.

Desse modo, verificamos que os pombos 21, 22, 23, 24 e 25 apresentaram na informação dos marcadores moleculares, duas bandas de DNA com características diferentes, pombo 21 e 23 indicando para asas com o padrão fenotípico do tipo T – check, pombos 22 e 25 do tipo Bar e pombo 24 do tipo Check. Então, ao analisarmos qual fenótipo é dominante e qual é recessivo, percebemos que os pombos 21 e 23 não apresentam o fenótipo associado, respectivamente, às bandas 88 e 35 pb. Essas bandas, que ficam na primeira e quarta posição da coluna de marcadores moleculares, indicam os alelos ( $c^{ch}$  e  $c^s$ ), respectivamente, responsáveis pelos tipos Check e Barless, mas os pombos não mostram essa característica. Os pombos 22 e 25 não apresentam o fenótipo associado, respectivamente, à banda 35 pb. Essa banda, que fica na quarta posição da coluna de marcadores moleculares, indica o alelo ( $c^s$ ) é responsável pelo tipo Barless, mas os pombos não mostram essa característica. O pombo 23 não apresenta o fenótipo associado a banda 88 pb. Essa banda, que fica na primeira posição da coluna de marcadores moleculares, indica o alelo ( $c^{ch}$ ) determinante do tipo Check. Os pombos não mostram essas características.

Assim, quando os pombos são heterozigotos, eles não manifestam o fenótipo causado pelo alelo recessivo, como é o caso dos pombos 21, 22, 23, 24 e 25. Esses pombos, portanto, apresentam em seu genótipo duas variantes do gene. Dessa forma, serão classificados, respectivamente, como heterozigotos nas classes genotípicas  $c^Tc^{ch}$ ,  $c^{ba}c^s$ ,  $c^Tc^s$ ,  $c^{ch}c^{ba}$  e  $c^{ba}c^s$ .

**Tabela 6.** Autorradiografias do gel que ajudam identificar, através dos marcadores de massa molecular 35, 55, 83 e 88 pb, qual é a constituição genotípica dos pombos que possuem plumagem das asas com padrão fenotípico: T – check, Check, Bar ou Barless. (Fonte: Os autores, 2023).

Fenótipos de Asas							
Identificação	Pb	Bandas	21	22	23	24	25
Marcadores Moleculares	88	██████	██████	██████		██████	██████
	83	██████	██████		██████		
	55	██████			██████	██████	
	35	██████		██████	██████		██████
Fenótipos			T - check	Bar	T - check	Check	Bar
Possíveis alelos			83/88	88/35	83/35	55/88	88/35
Genótipos			C <sup>T</sup> c <sup>ch</sup>	c <sup>ba</sup> c <sup>s</sup>	C <sup>T</sup> c <sup>s</sup>	c <sup>ch</sup> c <sup>ba</sup>	c <sup>ba</sup> c <sup>s</sup>

Na Tabela 7, ao compararmos as bandas de tamanhos moleculares de 35 pb, 55 pb, 83 pb e 88 pb ligadas às aves 26, 27, 28, 29 e 30 (Figura 7), observamos a ilustração dos géis de agarose que apresentam bandas de marcadores de massa molecular; a ave (26) é homozigota com duas bandas de 55 pb; a ave (27) é homozigota com ambas as bandas de 88 pb; a ave (28) é heterozigota devido à presença de duas bandas, uma de 55 pb e outra de 88 pb, e a ave (30) é homozigota com ambas as bandas de 35 pb.

Consequentemente, notamos que as aves 28 e 29 revelaram, na avaliação dos marcadores moleculares, a existência de duas bandas de DNA diferentes entre si. A ave 28 possui um fenótipo de plumagem de asas que corresponde ao padrão conhecido como Check, enquanto a ave 29 exibe o padrão T – check. Ao analisarmos qual dos fenótipos é dominante e qual é recessivo, percebemos que as aves 28 e 29 não apresentam os fenótipos associados à banda de 88 pb, que aparece em primeiro lugar na lista dos marcadores moleculares, indicando o alelo (c<sup>ba</sup>), responsável pela característica Bar. Assim, quando os pombos se apresentam como heterozigotos, eles não manifestam o fenótipo associado ao alelo recessivo, como observado nas aves 28 e 29. Portanto, esses pombos apresentam em seu genótipo duas variantes do gene. Desse modo, eles serão classificados como heterozigotos nas classes genotípicas c<sup>ch</sup>c<sup>ba</sup> e c<sup>T</sup>c<sup>ba</sup>. Já as aves 26, 27 e 30 serão consideradas homozigotas nas classes genotípicas c<sup>ch</sup>c<sup>ch</sup>, c<sup>ba</sup>c<sup>ba</sup> e c<sup>s</sup>c<sup>s</sup>, respectivamente.

**Tabela 7.** Autorradiografias do gel que ajudam identificar, usando marcadores de massa molecular 35, 55, 83 e 88 pb, qual é a constituição genotípica dos pombos que possuem plumagem de asas com padrão fenotípico: T – check, Check, Bar ou Barless. (Fonte: Os autores, 2023).

Fenótipos de Asas							
Identificação	Pb	Bandas	26	27	28	29	30
Marcadores Moleculares	88	██████		██████	██████	██████	
	83	██████			██████	██████	
	55	██████	██████		██████		
	35	██████					██████
Fenótipos			Check	Bar	Check	T - check	Barless
Possíveis alelos			55/55	88/88	55/88	83/88	35/35
Genótipos			c <sup>ch</sup> c <sup>ch</sup>	c <sup>ba</sup> c <sup>ba</sup>	c <sup>ch</sup> c <sup>ba</sup>	C <sup>T</sup> c <sup>ba</sup>	c <sup>s</sup> c <sup>s</sup>

Desse modo, observou-se que cada fenótipo de ave tem uma combinação genética exclusiva, o que permitiu uma diferenciação entre eles. Portanto, quando associamos os marcadores moleculares, que expressam a condição fenotípica da plumagem das asas das amostras de cada uma das 30 aves analisadas, verificamos que esses marcadores ou bandas (genes) observados possibilitaram o reconhecimento do fenótipo dominante e recessivo.

Portanto, as aves homozigotas (03, 10, 12, 18 e 27) de fenótipos bar, são vinculados apenas aos marcadores moleculares da primeira linha, mostrando em (pb) marcador de massa molecular 88; a ave homozigota (08) de fenótipo T - Check, é vinculada ao marcador molecular da segunda linha, mostrando em (pb) marcador de massa molecular 83; as aves homozigotas (06 e 26) de fenótipos Check, são vinculadas aos marcadores moleculares da terceira linha, mostrando em (pb) marcador de massa molecular 55 e as aves homozigotas (09, 15, 19 e 30) de fenótipos Barless, são vinculadas aos marcadores moleculares da quarta linha, mostrando em (pb) marcador de massa molecular 35. Logo, quando associamos os marcadores moleculares, que expressam a condição fenotípica de cada ave, verificamos que esses marcadores ou bandas (genes) observados possibilitaram quatro variedades com arranjos de classes genotípicas de constituição homozigotos ( $c^T c^T$ ,  $c^{Ch} c^{Ch}$ ,  $c^{Ba} c^{Ba}$  e  $c^S c^S$ ) e seis com arranjos heterozigotos ( $c^T c^{Ch}$ ,  $c^T c^{Ba}$ ,  $c^T c^S$ ,  $c^{Ch} c^{Ba}$ ,  $c^{Ch} c^S$ ,  $c^{Ba} c^S$ ).

Em suma, podemos dizer que esses conjuntos de marcadores moleculares se referem aos genes encontrados em uma ave e que são herdados de maneira mendeliana. Portanto, em outras palavras, podemos chamar de genótipo que é um termo usado para se referir à constituição genética de um indivíduo. Assim, a presença da banda na primeira, segunda, terceira ou quarta linha, caracteriza a constituição genética de uma ave com variações de padrão de plumagem entre as asas: T – check ( $c^T c^T$ ,  $c^T c^{Ch}$ ,  $c^T c^{Ba}$  e  $c^T c^S$ ); Check ( $c^{Ch} c^{Ch}$ ,  $c^{Ch} c^{Ba}$  e  $c^{Ch} c^S$ ); Bar ( $c^{Ba} c^{Ba}$  e  $c^{Ba} c^S$ ) e Barless ( $c^S c^S$ ), gerados pela expressão de múltiplos alelos com ordem de dominância igual a:  $c^T > c^{Ch} > c^{Ba} > c^S$ .

### Descrição da composição genética que determina a plumagem das asas na população de pombos (Figuras 2 a 7)

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 pombos, teremos de especificar dois atributos importantes: as frequências gênicas e o conjunto gênico.

Nesse grupo de pombos, é importante destacar que, os parâmetros que se utilizaram para descrever a existência das classes fenotípicas e genotípicas foram a relação de dominância  $c^T > c^{Ch} > c^{Ba} > c^S$  bem como as seguintes relações genótipo/fenótipo: ( $c^T$ ) determinante do padrão de asas T – check ( $c^Tc^T$ ,  $c^Tc^{Ch}$ ,  $c^Tc^{Ba}$  e  $c^Tc^S$ ); ( $c^{ch}$ ) determinante do padrão de asas Check ( $c^{Ch}c^{Ch}$ ,  $c^{Ch}c^{Ba}$  e  $c^{Ch}c^S$ ); ( $c^{Ba}$ ) determinante do padrão de plumagem de asas Bar ( $c^{Ba}c^{Ba}$  e  $c^{Ba}c^S$ ) e ( $c^S$ ) determinante do padrão de plumagem de asas Barless ( $c^Sc^S$ ).

A Tabela 8, 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 pombos, destacando a constituição das combinações genotípicas que podem ser relacionadas ao padrão de plumagem das asas do grupo populacional de pombas (Tabelas 2 a 7). Observou-se um total de 10 classes de combinações genotípicas e dessas, quatro combinações genotípicas ( $c^Tc^T$ ,  $c^Tc^{Ch}$ ,  $c^Tc^{Ba}$  e  $c^Tc^S$ ); são associadas ao padrão de asas T – check (40,0%), três ( $c^{Ch}c^{Ch}$ ,  $c^{Ch}c^{Ba}$  e  $c^{Ch}c^S$ ) ao padrão de asas Check (30,0%), duas ( $c^{Ba}c^{Ba}$  e  $c^{Ba}c^S$ ) ao padrão de plumagem de asas Bar (20,0%) e uma ( $c^Sc^S$ ) ao padrão de plumagem de asas Barless (10,0%).

**Tabela 8. Possíveis combinações de genótipos e as porcentagens que foram observadas em cada categoria fenotípica das diversas plumagens de asas (T – check, Check, Bar ou Barless) nos pombos listados nas Tabelas 2 a 9.**

Variabilidade	Fenótipo	Combinações genotípicas possíveis	Total de combinações	%
	T - check	$c^Tc^T$ <del><math>c^Tc^{ch}</math></del> $c^Tc^{Ba}$ $c^Tc^S$	04	40,0
	Check	$c^{ch}c^{ch}$ <del><math>c^{ch}c^{Ba}</math></del> <del><math>c^{ch}c^S</math></del>	03	30,0
	Bar	$c^{Ba}c^{Ba}$ $c^{Ba}c^S$	02	20,0
	Barless	$c^Sc^S$	01	10,0
Total			10	100,0

A Tabela 9 foi criada para que os alunos pudessem anotar por classe fenotípica, com base nas identificações relacionadas aos padrões de plumagem das asas do grupo de pombos (Tabelas 2 a 7), a frequência absoluta e a frequência relativa acumulada de todas as combinações genotípicas possíveis. Foram registradas 30 classes diferentes de combinações fenotípicas ????, sendo que seis estão associadas ao padrão de asas T – check (20,0%), oito correspondem ao padrão de asas Check (26,6%), doze ao padrão de asas Bar (40,0%) e quatro estão ligadas ao padrão de plumagem de asas Barless (13,3%).

**Tabela 9. Frequências e porcentagens das classes fenotípicas dos diferentes padrões de plumagem das asas (T – check, Check, Bar ou Barless) observados nos pombos integrantes das Tabelas 2 a 9.**

Variações de padrão das asas (Vista lateral)				
Classes Fenotípicas	T - check	Check	Bar	Barless
Frequência absoluta	6	8	12	4
Frequência relativa	0,20	0,266	0,40	0,133
%	20,0%	26,6%	40,0%	13,3%

Assim como as Tabelas 2 a 7, a Tabela 10 é composta por uma população de 30 pombos, na qual se verifica as seguintes frequências de classes genotípicas: T – check:  $c^T c^T$  (3,33%),  $c^T c^{Ch}$  (6,67%),  $c^T c^{Ba}$  (6,67%) e  $c^T c^S$  (3,33%); Check:  $c^{Ch} c^{Ch}$  (6,66%),  $c^{Ch} c^{Ba}$  (10,0%) e  $c^{Ch} c^S$  (10,0%); Bar:  $c^{Ba} c^{Ba}$  (16,67%) e  $c^{Ba} c^S$  (23,33%); Barless  $c^S c^S$  (13,33%). Assim, a estrutura genética dessa população pode ser totalmente caracterizada pela proporção ou percentual de indivíduos de cada grupo de genótipo; em outras palavras, pelas frequências de todos os 10 tipos de classes genotípicas observadas entre os 30 pombos. É importante ressaltar que a soma das frequências de todos os grupos de genótipos deve ser igual a 1 ou 100%.

**Tabela 10. Frequências absolutas, relativas e porcentagens das classes genotípicas dos diferentes padrões de plumagem das asas (T – check, Check, Bar ou Barless) observados nos pombos integrantes das Tabelas 2 a 9.**

Fenótipos das asas	Genótipos	Frequência absoluta	Frequência relativa	%
	$c^T c^T$	1	0,033	3,33%
	$c^T c^{Ch}$	2	0,067	6,67%
	$c^T c^{Ba}$	2	0,067	6,67%
	$c^T c^S$	1	0,033	3,33%
	$c^{Ch} c^{Ch}$	2	0,067	6,67%
	$c^{Ch} c^{Ba}$	3	0,100	10,00%
	$c^{Ch} c^S$	3	0,100	10,00%
	$c^{Ba} c^{Ba}$	5	0,167	16,67%
	$c^{Ba} c^S$	7	0,233	23,33%
	$c^S c^S$	4	0,133	13,33%
Total	30 genótipos	1,00%	100,00%	

Na Tabela 11 são dispostos dados que revelam informações sobre as classes fenotípicas, classes genotípicas e a quantidade de genes alelos que podem ser observados entre os 30 pombos, ilustrados nas Figuras 2 a 7. Também são mostradas as informações sobre as frequências absolutas das combinações de genótipos e, com base nessas ocorrências, são feitas estimativas sobre o número de pombos relacionado a cada uma dessas categorias, além de estimativas quanto ao número de genes alelos que estão sendo sugeridos pela variabilidade fenotípica associada aos padrões de plumagem das asas com as classes genotípicas:  $c^T c^T$ ,  $c^T c^{Ch}$ ,  $c^T c^{Ba}$ ,  $c^T c^S$ ,  $c^{Ch} c^{Ch}$ ,  $c^{Ch} c^{Ba}$ ,  $c^{Ch} c^S$ ,  $c^{Ba} c^{Ba}$  e  $c^{Ba} c^S$  (Figuras 2 a 7). Cada pombo possui um par de alelos por gene, sendo um derivado de cada cromossomo. Quando os dois alelos são iguais,

eles são denominados homozigotos. Nesse cenário, ambos os alelos indicarão uma característica idêntica. Por outro lado, se os alelos diferirem, eles são conhecidos como heterozigotos.

Quando buscamos entender geneticamente uma população, dois aspectos são fundamentais: suas frequências de alelos e seu reservatório genético. Assim, se nosso objetivo é analisar geneticamente o número estimado de genes ( $c^T$ ,  $c^{Ch}$ ,  $c^{Ba}$  e  $c^S$ ) que fazem parte da população de pombos, então duas características são essenciais: as frequências alélicas e o reservatório genético. A frequência alélica refere-se à proporção de cada alelo distinto dentro dessa população. Para determinar essas proporções, precisamos contar a quantidade total de amostras de pombos que apresentam cada genótipo na população e calcular ou estimar a frequência relativa dos alelos correspondentes.

Dessa forma, ao analisar os alelos  $c^T$ ,  $c^{Ch}$ ,  $c^{Ba}$  e  $c^S$  nesta população (conforme ilustrado nas Figuras 2 a 7), a distribuição de genótipos dos pombos foi calculada da seguinte maneira: 1 ( $c^T c^T$ ), 2 ( $c^T c^{Ch}$ ), 2 ( $c^T c^{Ba}$ ), 1 ( $c^T c^S$ ), 2 ( $c^{Ch} c^{Ch}$ ), 3 ( $c^{Ch} c^{Ba}$ ), 3 ( $c^{Ch} c^S$ ), 5 ( $c^{Ba} c^{Ba}$ ), 7 ( $c^{Ba} c^S$ ) e 4 ( $c^S c^S$ ). Nesse contexto, com base no total da amostra e no número de pombos correspondentes a cada genótipo, o gene ( $c^T$ ), responsável pela transmissão da informação genética que determina o padrão de asas T – check, foi avaliado com um total de 7 genes ( $c^T$ ), dos quais 2 pertencem ao genótipo homozigoto ( $c^T c^T$ ) e 5 vêm do genótipo heterozigoto, sendo 2 ( $c^T c^{Ch}$ ) + 2 ( $c^T c^{Ba}$ ) + 1 ( $c^T c^S$ ).

Para o gene ( $c^{Ch}$ ) que possibilita a passagem da informação genética responsável pelo padrão de asas Check, foi realizada uma estimativa com um total de 10 genes ( $c^{Ch}$ ). Desses, 4 pertencem ao genótipo homozigoto 2 ( $c^{Ch} c^{Ch}$ ) e 6 são de genótipos heterozigotos 3 ( $c^{Ch} c^{Ba}$ ) e 3 ( $c^{Ch} c^S$ ). Em relação ao alelo ( $c^{Ba}$ ), que é fundamental para o padrão de plumagem das asas Bar, houve uma estimativa com um conjunto de 17 genes ( $c^{Ba}$ ). Dentre eles, 10 são do genótipo homozigoto 5 ( $c^{Ba} c^{Ba}$ ) e 7 do genótipo ( $c^{Ba} c^S$ ).

Para o gene ( $c^S$ ), que permite a transmissão da informação genética que define o padrão de plumagem de asas Barless, foi feito um cálculo com um total de 19 genes ( $c^S$ ). Desses, 8 pertencem ao genótipo homozigoto 4 ( $c^S c^S$ ) e 11 são de genótipos heterozigotos 1 ( $c^T c^S$ ), 3 ( $c^{Ch} c^S$ ) e 7 ( $c^{Ba} c^S$ ).

**Tabela 11. Frequências absolutas das classes genotípicas e número de genes alelos observados nos diferentes padrões de plumagem das asas (T – check, Check, Bar ou Barless) dos pombos integrantes das Tabelas 2 a 9.**

Fenótipos das asas	Genótipos	Frequência absoluta	Número de genes alelos
 T - check	$c^T c^T$	1	2 ( $c^T$ )
	$c^T c^{Ch}$	2	4 (2 $c^T$ + 2 $c^{Ch}$ )
	$c^T c^{Ba}$	2	4 (2 $c^T$ + 2 $c^{Ba}$ )
	$c^T c^S$	1	2 (1 $c^T$ + 1 $c^S$ )
 Check	$c^{Ch} c^{Ch}$	2	4 ( $c^{Ch}$ )
	$c^{Ch} c^{Ba}$	3	6 (3 $c^{Ch}$ + 3 $c^{Ba}$ )
	$c^{Ch} c^S$	3	6 (3 $c^{Ch}$ + 3 $c^S$ )
 Bar	$c^{Ba} c^{Ba}$	5	10 ( $c^{Ba}$ )
	$c^{Ba} c^S$	7	14 (7 $c^{Ba}$ + 7 $c^S$ )
 Barless	$c^S c^S$	4	8 ( $c^S$ )
Total		30 genótipos	60 alelos

A abordagem educacional sugerida possibilitou evidenciar, em nosso contexto teórico, dados acerca da frequência absoluta, relativa e percentual dos genes ( $c^T$ ,  $c^{Ch}$ ,  $c^{Ba}$  e  $c^S$ ) que influenciam nos variados padrões de plumagem das asas (T – check, Check, Bar ou Barless) dos pombos listados nas Tabelas 2 a 9.

No sistema genético que define os diversos tipos de asas (T – check, Check, Bar ou Barless) dos pombos, os genes estão presentes em pares, ou seja, vêm em duplidade. Ademais, uma das cópias de um gene pode exercer influência predominante sobre a outra, que é considerada recessiva. Como demonstrado nas Tabelas 2 a 11, um pombo pode ter duas cópias idênticas de um gene, configurando-se como homozigoto, ou cópias distintas, configurando-se como heterozigoto. Portanto, com base na classificação do genótipo do padrão de asas de cada pombo (Tabelas 11), foi viável calcular a frequência relativa e percentual de cada gene. Esse cálculo foi realizado contando quantas vezes os alelos ( $c^T$ ,  $c^{Ch}$ ,  $c^{Ba}$  e  $c^S$ ) apareceram no grupo de pombos e dividindo pelo total de cópias do gene. Para calcular a frequência de cada alelo nesta população, é essencial conhecer os genótipos associados aos genes ( $c^T$ ,  $c^{Ch}$ ,  $c^{Ba}$  e  $c^S$ ). Assim, ao considerar que a frequência absoluta se refere ao número de vezes que um alelo  $c^T$ ,  $c^{Ch}$ ,  $c^{Ba}$  ou  $c^S$  ocorre nos genótipos, a frequência absoluta de cada um desses alelos pode ser determinada simplesmente contando suas múltiplas aparições.

A Tabela 12 apresenta as contagens absolutas, as proporções relativas e a porcentagem de cada um dos quatro alelos, sendo que o gene  $c^T$  representa o padrão de asas T – check, o gene  $c^{Ch}$  representa Check, o gene  $c^{Ba}$  simboliza Bar e o gene  $c^S$  indica Barless.

A contagem absoluta refere-se ao número total de vezes que um alelo específico foi encontrado. Com base nessa contagem absoluta, é possível determinar a proporção relativa, que é obtida ao dividir a contagem absoluta pelo total de alelos no grupo. Por exemplo, a proporção do alelo  $c^S$  é calculada como 19 dividido por 60, o que resulta em 0,317. Assim, o alelo  $c^S$  tem uma proporção de 31,7%. Para o alelo  $c^{Ba}$ , a proporção é de 22 dividido por 60, resultando em 0,367, ou seja, 36,7%. A proporção do alelo  $c^{Ch}$  é de 12 dividido por 60, gerando 0,2, o que equivale a 20,0%. Por último, a proporção do alelo  $c^T$  é de 7 dividido por 60, resultando em 0,116. Assim, a soma das proporções genéticas chega a 1 ou 100%.

**Tabela 12. Frequências dos diferentes alelos do lócus responsável pelos diferentes padrões de plumagem de asas (T – check, Check, Bar ou Barless) observadas no grupo populacional hipotético de pombos integrantes das Tabelas 2 a 9.**

Genes alelos	Frequência absoluta (alelos)	Frequência relativa (alelos)	%
$c^S$	19	0,317	31,7%
$c^{Ba}$	22	0,367	36,7%
$c^{Ch}$	12	0,2	20,0%
$c^T$	7	0,116	11,6%
Total	60 alelos	1,000	100,0%

A utilização da metodologia de eletroforese de bandas possibilitou reconhecer a categoria genotípica relacionada aos padrões de plumagem das asas dos pombos por meio da avaliação de suas moléculas de DNA, ou ácido desoxirribonucleico, que forma os genes. Cada pombo apresenta um conjunto singular de genes e, por conseguinte, de moléculas de DNA. O

padrão de bandas de tamanhos moleculares de 35 pb, 55 pb, 83 pb e 88 pb que se forma é exclusivo para cada pombo, funcionando como sua “impressão digital” genética.

Ao analisar o resultado da proposta didática (Figuras 1 a 7), percebeu-se que os estudantes se tornaram protagonistas do processo de ensino e aprendizagem. Ao coletarem os dados (Tabelas 2 a 11), 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 Básica e 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 pombos considerando quatro alelos múltiplos, tendo como exemplificação um modelo didático que simula imagens de autorradiografias dos géis de agarose para verificar a presença de múltiplos alelos que determinam o padrão de plumagem das asas (T – check, Check, Bar ou Barless), com base em informações fenotípicas de pombos (*C. livia*).

Para isso, foi levada em conta a necessidade de empregar materiais que sejam acessíveis e econômicos, além de serem de fácil construção. Assim, conforme afirmado por Guimarães e Ferreira (2006); Justina e Ferla (2006); Cavalcante e Silva (2008); Temp e Bartholomei-Santos (2014; 2018); Medeiros et al. (2021); Medeiros, Alves e Kimura (2023; 2024; 2025), esse tipo de recurso didático é visto como uma importante ferramenta para a aprendizagem, tornando as aulas mais variadas, dinâmicas e atraentes, enquanto também oferecem suporte ao professor na implementação de diferentes conteúdos durante as aulas.

Assim é importante o uso de ferramentas metodológicas que permitam um ensino mais adequado e que sejam capazes de chamar a atenção dos alunos e promover uma participação ativa na construção do saber (VYGOTSKY, 2003; MARCONI & LAKATOS, 2003; SETUVAL & 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; LUZ et al., 2019; LIMA et al., 2020; MEDEIROS, ALVES e KIMURA (2023; 2024).

Numerosos estudos têm sido conduzidos sobre o uso de modelos representativos no ensino fundamental, médio e superior. Além de pesquisas voltadas para incrementar o interesse e a aprendizagem dos alunos, também existem investigações que se propuseram a criar modelos alternativos para apoiar professores dispostos a implementá-los em suas aulas. Outros trabalhos focaram na criação e utilização de modelos com estudantes de Licenciatura em Biologia, para que esses futuros educadores possam empregá-los como recurso didático após a conclusão do curso. Entre as pesquisas que apresentam modelos representativos em ambientes de aprendizagem estão Matos et al. (2009); Orlando et al. (2009); Mendonça & Santos (2011); Souza & Faria (2011); Temp (2011); Duso (2012); Krause (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; 2025), que relataram, de maneira geral, o envolvimento dos alunos durante toda a atividade; uma facilidade maior na reflexão sobre o conteúdo; a facilitação de um aprendizado significativo em referência a conceitos que apresentavam grande dificuldade para os discentes; além de curiosidade, entusiasmo, interesse, interação e uma maior facilidade no desenvolvimento de competências e habilidades pelos alunos; também foi notado o fomento à criatividade e ao trabalho em equipe entre os estudantes.

As ilustrações da atividade proposta com diversidade de padrões de plumagem das asas de pombos (*C. livia*) associadas as imagens de autorradiografias de eletroforese (Figuras 2 a 7) para investigar a ocorrência de múltiplos alelos também permitiram observar um desempenho

semelhante ao das aulas práticas, sendo indicativo de que a substituição é possível por esse modelo alternativo aqui usado. Portanto, através desta proposta metodológica observamos que os licenciandos desenvolveram uma postura mais científica. Ao coletarem os dados (Figura 2 a 7 e Tabelas 1 a 11), acessaram e valorizaram conhecimentos do cotidiano, demonstraram capacidade de registrar informações de forma diferenciada, de argumentar e de analisar dados, obtendo dessa maneira ganhos pessoais e cognitivos.

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, o 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; 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, KIMURA, 2022; 2023; 2024). 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. (ESTÁ ESQUISITO)

Medeiros, Alves e Kimura (2025), ao levar em conta a diversidade dos estudantes no programa de Licenciatura em Ciências Biológicas e reconhecendo que cada indivíduo possui seu próprio ritmo e estilo de aprendizagem, sugerem que a adoção de metodologias variadas pode representar uma solução eficaz para aprimorar o entendimento dos conteúdos ligados à genética.

Atualmente, a educação está passando por profundas transformações e inovações, enfrentando, em alguns casos, desafios para acessar recursos que podem ser aproveitados em sala de aula. Nesse contexto, a tecnologia assume um papel estratégico como ferramenta de ensino e aprendizagem, contribuindo na construção de novos e variados conhecimentos. Não se trata apenas de captar o interesse dos alunos para promover seu desenvolvimento escolar ou despertar a curiosidade pelos estudos, mas sim de oferecer um mecanismo facilitador que os apoie em seu processo de aprendizagem e na busca pelo saber, impulsionando seu crescimento educacional de forma positiva. O uso de modelos didáticos destaca-se como um elemento essencial para apoiar o aprendizado dos estudantes. Ao interagirem com abordagem metodológica que desperte seu interesse e permite explorar conteúdos de maneira dinâmica e acessível, os alunos têm a oportunidade de aprender de forma mais agradável e eficaz. Isso gera maior entusiasmo e foco nos estudos, além de promover o desenvolvimento de habilidades que podem ser aplicadas diretamente no ambiente escolar.

Com o acesso aos modelos didáticos no ambiente escolar, torna-se as aulas mais atrativas e prazerosas, uma junção entre aprendizagem e lazer, deixando o ambiente um lugar mais agradável e receptivo aos alunos. O aluno se encontra em satisfação de estar na escola aprendendo e compartilhando seus conhecimentos com o grupo, onde pode se expressar e desenvolver habilidades, através de ilustrações que auxiliam no processo de aprendizagem.

Nesse processo o papel do professor é oferecer estratégias e metodologias variadas, levando em consideração as dificuldades dos alunos e, ao aplicá-las, criar formas para que eles consigam superar esses desafios de aprendizagem, tornando o processo mais prazeroso e estimulante. Com este trabalho, buscou-se disponibilizar essas ferramentas para professores e

outros educadores, com o objetivo de orientar e apoiar os estudantes na conquista do sucesso em sua trajetória escolar.

## CONCLUSÕES

Com base na análise realizada, conclui-se que a adoção do modelo educacional proposto apresentou diversas vantagens ao tornar o aprendizado mais interativo, acessível e ajustado às necessidades individuais dos alunos, funcionando, inclusive, como um exemplo prático de pesquisa educativa. Paralelamente, o estudo dos resultados obtidos por autorradiografias da reação em cadeia da polimerase (PCR), associado à eletroforese em gel de agarose, permitiu identificar diferentes classes genotípicas relacionadas aos fenótipos T - Check; Check; Bar e Barless relativos à plumagem das asas de pombos (*C. livia*) em uma amostra populacional composta por 30 indivíduos. Essas características foram utilizadas para calcular as frequências absolutas e relativas de cada alelo dentro desse grupo.

Durante a atividade em sala de aula, ficou evidente um aumento significativo no nível de conhecimento dos alunos ao longo do processo, destacando a eficiência do modelo didático utilizado para promover o engajamento. Isso se deve ao fato de terem trabalhado com dados reais coletados por eles mesmos, explorando maneiras de manipular essas informações para prever numericamente as frequências gênicas ou alélicas. Observou-se que os quatro fenótipos de plumagem das asas estão associados à presença de quatro alelos distintos, que aparecem em 10 combinações diferentes de genótipos.

Essa abordagem metodológica permitiu um estudo integrado entre genética, técnicas de biologia molecular e matemática, promovendo um desenvolvimento pessoal e cognitivo dos alunos. Durante o processo, eles são incentivados a pensar, raciocinar, interpretar e, por fim, apresentar os resultados alcançados. Com isso, contribui-se significativamente para o aprendizado dos estudantes e para o avanço da interdisciplinaridade. Dessa maneira, espera-se que metodologias como essa sejam implementadas com maior frequência, tornando o ensino de genética mais envolvente e dinâmico. A idéia é estimular ainda mais a curiosidade dos alunos e incrementar sua participação em sala de aula.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AINSWORTH, S.; PRAIN, V.; TYTLER, R. Drawingto Learn. *Science Education*, v. 333, n. 26, p. 1096-1097, 2011.
- AMABIS, J. M. & MARTHO, G. R. Biologia das populações. (3<sup>a</sup> ed., Vol.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, RJ: 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.
- BARAB, S. A. et al. Virtual solar system project: building understanding through model building. *Journal of Research in Science Teaching*, New York, v. 37, n. 7, p. 719-756, 2000.
- 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).
- BUTLER J. M. Forensic DNA typing: biology, technology, and genetics of STR markers. Second edition, Elsevier – Academic Press, USA. (2005).
- 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.
- 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.
- CAVALLI-SFORZA L.L., MENOZZI P., PIAZZA A. The history and geography of human genes, Princeton University Press, Princeton, USA. (1994).

CHURCHILL F.B. William Johannsen and the genotype concept. *J History of Biology* 7, 5-30. 1974.

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.

DUSO, L.; CLEMENT, L.; PEREIRA, P. B.; FILHO, J. P. A. Modelização: Uma Possibilidade no Ensino de Biologia. *Ensaio Pesquisa em Educação em Ciências*, 15(2), 29-44. (2013).

EICHLER, M.; DEL PINO, J. C. Computadores em educação química: estrutura atômica e tabela periódica. *Química Nova*, 23(6) p. 835 – 840. (2000).

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.

GARDNER, E. J.; SNUSTAD, D. P. Genética. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 7.ed. 1986.

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

GIACÓIA, L. R.D. Conhecimento básico de genética: concluintes do ensino médio e graduandos de ciências biológicas. Dissertação de mestrado. Universidade Estadual Paulista. Faculdade de Ciências. Bauru / SP, 2006.

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. Introdução à Genética. 11<sup>a</sup> ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2016.

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, E. M.; FERREIRA, L. B. M. O uso de modelos na formação de professores de Ciências. 2º ENCONTRO REGIONAL SUL DE ENSINO DE BIOLOGIA, 3ª JORNADA DE LICENCIATURA EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS DA UFSC. *Anais...* Florianópolis, novembro de 2006.

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.

JOHANNSEN W. The genotype conception of heredity. *American Naturalist* 45, 129-159, 1911.

JUSTINA, L. A. D.; FERLA, M. R. A utilização de modelos didáticos no Ensino de Genética: exemplo de representação de compactação do DNA eucarioto. Arquivos 83 do Museu Dinâmico Interdisciplinar, Maringá, 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.

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.

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; 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.

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.

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T. 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*). Revista Biodiversidade - v.24, n.1, 2025 - pág. 197 – 219.

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T. Utilização de heredogramas que utilizam regiões polimórficas do DNA para identificar o sexo e a classe genotípica da cor da plumagem entre pombos (*Columba livia*). Revista Biodiversidade - v.24, n.2, 2025 - pág. 186 – 214.

MEDEIROS, A.; MEDEIROS, C. F. Possibilidades e limitações das simulações computacionais no Ensino de Física. São Paulo: Revista brasileira de Ensino de Física, v. 24, nº 2, abr/jun. 2002, p. 77-86.

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.

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.

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.

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.

REIS, I. A.; NASCIMENTO, G. S. V.; GUIMARÃES, D. M.; BEZERRA, G. L. S.; NASCIMENTO, S. B. M.; ALENCAR, I. C. C. e AMADO, M. V. O ensino de Biologia sob uma perspectiva CTSA: análise de uma proposta pedagógica de uso de modelos didáticos da divisão celular. Atas do IX Encontro Nacional de Pesquisa em Educação em Ciências – IX ENPEC, p. 1-8, 2013.

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. Encyclopédia Biosfera, v.7, n.13, p.1550- 1561, 2011.

SOUZA, 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.; BARTHOLOMEI-SANTOS, M. L. Desenvolvimento e uso de um modelo didático para facilitar a correlação genótipo-fenótipo. Revista Electrónica de Investigación em Educación en Ciencias-REIEC. V. 8 N .2. 2013.

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.

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

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.

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