

# **APLICAÇÃO DO BINÔMIO DE NEWTON PARA O ENSINO DE GENÉTICA QUANTITATIVA, UTILIZANDO UM MODELO DIDÁTICO QUE CONSIDERA A REPRESENTAÇÃO DE CORES DA ÍRIS DOS OLHOS NA ESPÉCIE HUMANA**

Mauro Osvaldo Medeiros<sup>1</sup>

Sueli Maria Alves<sup>1</sup>

Marcelo Teiji Kimura<sup>2</sup>

**RESUMO:** A herança quantitativa, ou poligênica, caracteriza-se pelo fato de o fenótipo ser determinado pela interação de múltiplos pares de alelos. Assim, esta pesquisa teve como objetivo elaborar materiais que ajudem na solidificação de noções teóricas e práticas direcionadas à compreensão da transmissão de características quantitativas ou poligênicas, enfatizando a variação contínua dos fenótipos e a quantidade de genótipos estimados com base na quantidade de genes envolvidos na determinação das nuances de cor da íris ocular humana. Para tal, foi empregado o Binômio de Newton como ferramenta matemática. Os resultados mostram que os alunos da licenciatura participaram ativamente das atividades, demonstrando elevado interesse e curiosidade por meio de discussões entusiasmadas sobre os dados analisados. Com uma postura crítica, eles levantaram questões pertinentes ao tema e às estimativas apresentadas, evidenciando alinhamento com o objetivo de promover uma abordagem interdisciplinar no processo de aprendizagem. Tais interações apontaram para a eficácia do modelo aplicado, mostrando seu potencial em incentivar uma maior participação dos estudantes. O aprendizado foi enriquecido através da coleta e interpretação dos dados pelos próprios alunos, que calcularam as frequências fenotípicas e genotípicas associadas à herança poligênica de forma prática e numérica. Constatou-se que as sete tonalidades de íris correspondem a três pares distintos de alelos, resultando em 27 combinações genotípicas únicas. Assim, demonstra-se que metodologias como esta podem ser regularmente implementadas para tornar o ensino de genética quantitativa mais envolvente e dinâmico. A expectativa é fomentar ainda mais a curiosidade dos alunos e ampliar sua participação nas atividades educacionais.

**Palavras-chave:** Herança quantitativa, Cor da íris do olho humano, Abordagem multidisciplinar, Binômio de Newton

## **APPLICATION OF NEWTON'S BINOMIAL THEORY FOR TEACHING QUANTITATIVE GENETICS, USING A DIDACTIC MODEL THAT CONSIDERS THE REPRESENTATION OF IRIS COLOR IN THE HUMAN SPECIES**

**ABSTRACT:** Quantitative, or polygenic, inheritance is characterized by the fact that the phenotype is determined by the interaction of multiple pairs of alleles. Thus, this research aimed to develop materials that help solidify theoretical and practical notions directed towards understanding the transmission of quantitative or polygenic characteristics, emphasizing the continuous variation of phenotypes and the number of genotypes estimated based on the number of genes involved in determining the nuances of color in the human iris. Newton's Binomial Theorem was used as a mathematical tool. The results show that undergraduate students actively participated in the activities, demonstrating high interest and curiosity through enthusiastic discussions about the analyzed data. With a critical stance, they raised pertinent questions about the topic and the estimates presented, demonstrating alignment with the objective of promoting an interdisciplinary approach in the learning process. These interactions pointed to the effectiveness of the applied model, showing its potential to encourage greater student participation. Learning was enriched through the collection and interpretation of data by the students themselves, who calculated the phenotypic and genotypic frequencies associated with polygenic inheritance in a practical and numerical way. It was found that the seven iris shades correspond to three distinct pairs of alleles, resulting in 27 unique genotypic combinations. Thus, it is demonstrated that methodologies like this can be regularly implemented to make the teaching of quantitative genetics more engaging and dynamic. The expectation is to further foster students' curiosity and increase their participation in educational activities.

**Keywords:** Quantitative inheritance, Human iris color, Multidisciplinary approach, Newton's binomial theorem.

<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 uso de modelos representativos criados a partir de dados em temas de aulas organizados de forma didática, como recurso de estímulo pedagógico tem se mostrado uma ferramenta eficaz para transmitir o conhecimento de maneira interativa e dinâmica, proporcionando aos estudantes informações sobre tópicos essenciais para o ensino da Genética.

A genética é um campo que utiliza muitos termos técnicos que os estudantes costumam ter dificuldade em compreender. Assim, os professores devem empregar uma variedade de metodologias para melhorar a compreensão dos alunos, visando otimizar o processo de ensino-aprendizagem (MEDEIROS, ALVES; KIMURA 2022; 2023; 2024; 2025).

A herança quantitativa, também conhecida como poligênica, ocorre quando o fenótipo é influenciado por múltiplos pares de alelos. Um exemplo eficaz desse tipo de herança é a coloração da íris ocular nos seres humanos. Os traços herdados se manifestam de maneira contínua, onde os alelos não aditivos envolvidos resultam em uma produção reduzida de melanina, enquanto os alelos que influenciam positivamente aumentam essa produção. A variação no número de alelos que estimulam essa síntese determina a expressão fenotípica observada (GARDNER & SNUSTAD, 1986; GRIFFITHS et al., 2016).

A pigmentação dos olhos é definida pela quantidade de melanina depositada na íris, o círculo colorido que fica em volta da pupila. Já a melanina é uma proteína presente no corpo humano, que dá coloração aos olhos, cabelos, pele, entre outras estruturas. A cor dos olhos, então, é definida pela genética e ocorre quando vários pares de genes interagem para determinar uma característica, fenômeno esse chamado Herança Poligênica. Quando essa interação entre os genes acontece, diversas proteínas são produzidas, determinando assim a quantidade de melanina que a íris receberá. O excesso de melanina na íris resulta em olhos com tons mais escuros, como o castanho-escuro. A falta desse pigmento, pelo contrário, faz com que a íris fique esbranquiçada. Dessa forma, uma pessoa com muita pouca pigmentação na íris tenderá a ter olhos azuis (BEIGUELMAN, 2008; AMABIS & MARTHO, 2010; PIERCE, 2016).

Além dos fatores genéticos, não podemos esquecer que fatores ambientais também influenciam na coloração da íris. Assim, todos os graus de cor de íris podem ser observados em populações de partes diferentes do mundo, e essa variação claramente tem um componente genético. Esses genes são conhecidos como genes poligênicos e têm efeitos cumulativos e aditivos, o que leva a uma vasta variação fenotípica numa população, podendo estar localizados em diferentes cromossomos. Para Pierce (2016), as características codificadas por genes localizados em muitos lócus são chamadas de características poligênicas. Se vários lócus participarem, vários genótipos são possíveis, cada um produzindo um fenótipo discretamente diferente.

Segundo Prota et al. (1998); Wielgus & Sarna (2005) a cor da íris dos olhos é uma característica cuja herança é poligênica, um tipo de variação contínua determinada por alelos de vários genes que influenciam na quantidade de pigmentos da íris do olho. Isso ocorre por meio da produção de proteínas que dirigem a proporção de melanina depositada na íris. Outros genes produzem manchas, raios, anéis e padrões de difusão dos pigmentos. E de acordo com Morris (2006) a espécie humana e os animais têm muitas variações fenotípicas na cor dos olhos.

Huiqiong et al. (2005) relataram que três componentes principais presentes na íris contribuem para sua cor: a melanina do epitélio pigmentar da íris, a melanina no estroma da íris e a densidade celular no estroma da íris. Em olhos de todas as cores, o epitélio pigmentar da íris possui o pigmento preto conhecido como eumelanina (PROTA et al., 1998; HUIQIONG et al., 2005).

As diferenças de cor entre os diversos tipos de íris são geralmente explicadas pela presença de melanina no estroma da íris (HUIQIONG et al., 2005). A quantidade de luz

absorvida pelos pigmentos subjacentes do epitélio é influenciada pela densidade celular no estroma (HUIQIONG et al., 2005).

Segundo os autores Sturm & Frudakis (2004); Grant & Lauderdale (2002) a cor do olho é uma característica hereditária influenciada por mais de um gene. Esses genes se diferenciam por mínimas diferenças, no que é conhecido por polimorfismo de nucleotídeo único. E para a News-Medical.net (2017) a quantidade de melanina depositada na íris é o que determina a coloração dos olhos, por meio dos genes responsáveis pela distribuição dessa proteína. Um pequeno depósito de melanina na íris faz os olhos parecerem azuis, uma quantidade média os torna verdes ou castanhos e uma quantidade grande, marrom escuro.

Ao considerar a implementação de modelos representativos em aulas de genética focadas na herança poligênica, é fundamental reconhecer a importância da abordagem multidisciplinar. A interação com outras disciplinas enriquece o aprendizado, pois a inclusão de múltiplas perspectivas amplia a compreensão e aprofunda o conhecimento sobre o tema em questão. O uso de modelos didáticos representativos é amplamente aceito, e vários autores destacam a importância dessa abordagem para facilitar o aprendizado (MENDONÇA & SANTOS, 2011; DUSO, 2012; 2013; KLAUBERG, 2015; MEDEIROS et al., 2021 e 2022; MEDEIROS, ALVES, KIMURA, 2022; 2023; 2024).

No âmbito biológico, examinar um caso concreto de uma característica humana que é influenciada por múltiplos genes se tornaria desafiador, especialmente porque precisaríamos observar dezenas ou até centenas de pares diferentes de alelos. No entanto, com base nas metodologias propostas pelos autores Justina e Ferla (2006); Duso (2010 e 2012); Della e Ferla (2013); Medeiros e colaboradores (2021 e 2022); Medeiros, Alves e Kimura (2022; 2023; 2024; 2025), sugerimos um modelo educacional que se apoia na coleta de informações a partir de amostras selecionadas com base nas características visuais, incluindo variações nos níveis de pigmentação da íris do olho humano. Esses dados podem ser analisados em diferentes populações ao redor do mundo para entender como vários genes, cujos alelos atuam de maneira cumulativa, podem influenciar a manifestação de uma mesma característica. Isso permite observar uma graduação nos fenótipos, dependendo da proximidade ou distância em relação a um certo extremo genotípico, resultando em uma ampla diversidade e um espectro de fenótipos. Neste sentido, Nanni (2007) ressalta que é importante haver uma relação entre os conteúdos trabalhados em sala de aula e as visões de mundo dos estudantes, suas experiências e expectativas.

Portanto, este estudo teve como finalidade desenvolver recursos que ajudem na consolidação de conceitos tanto práticos quanto teóricos, voltados para o entendimento da passagem de traços quantitativos ou poligênicos. A pesquisa destacou a variação contínua dos fenótipos e a estimativa da quantidade de genótipos, levando em conta a soma de genes que influenciam as diferentes tonalidades de cor associadas à coloração da íris dos olhos humanos. Para isso, utilizou-se o Binômio de Newton como um instrumento matemático.

## MATERIAL E MÉTODOS

Um modelo didático foi desenvolvido (Figura 1) com o objetivo de simular uma análise comparativa entre sete diferentes classes fenotípicas relacionadas à cor da íris humana. Nesse modelo, cada alelo contribui com uma quantidade específica de pigmento, gerando fenótipos distintamente variados. Para facilitar a compreensão dessas variações, foi utilizada uma abordagem baseada nos conceitos do binômio de Newton.

O estudo envolveu 28 alunos do Curso de Licenciatura em Ciências Biológicas, pertencente ao Instituto de Ciências Exatas e Naturais. Entre os participantes, 36,0% eram do sexo masculino e 64,0% do sexo feminino, com idades variando entre 18 e 36 anos.

A atividade seguiu uma sequência didática e foi dividida em duas aulas de 50 minutos cada. A metodologia foi estruturada em duas etapas:

Na primeira aula (50 minutos), houve a introdução e contextualização do tema para que os estudantes pudessem situar-se, compreender e engajar-se com o assunto abordado. O foco esteve na aprendizagem de aspectos da genética que envolvem heranças poligênicas ou quantitativas. Essa área explora como métodos estatísticos podem ser utilizados para estimar as contribuições de genes aditivos na variação fenotípica. Foi abordada a forma como esses métodos avaliam distribuições contínuas de fenótipos e estimam o número de genótipos esperados conforme a quantidade de genes envolvidos na definição de uma característica.

Na segunda aula, também com duração de 50 minutos, realizou-se um experimento prático. Ele simulou, por meio de figuras ilustrativas, diversos olhos humanos representando os círculos ao redor das pupilas. Foram apresentadas sete graduações de pigmentação da íris: marrom, castanho, avelã, âmbar, verde, cinza e azul. O experimento buscou demonstrar como genes com efeitos aditivos podem influenciar a característica em questão, permitindo uma distinção gradativa entre fenótipos conforme se aproximam ou se afastam dos extremos genotípicos.

### O conteúdo histórico apresentado aos alunos

A pigmentação dos olhos é determinada pela quantidade de melanina presente na íris, o círculo colorido que circunda a pupila. A melanina, por sua vez, é uma proteína encontrada no corpo humano responsável por conferir coloração aos olhos, cabelos, pele e outras estruturas. A tonalidade dos olhos é um atributo definido geneticamente e surge da interação entre múltiplos pares de genes, um processo denominado Herança Poligênica. Essa interação leva à produção de várias proteínas que regulam a quantidade de melanina depositada na íris. Quando há um depósito elevado desse pigmento, os olhos tendem a apresentar tons mais escuros, como marrom ou castanho-escuro. Por outro lado, uma menor concentração de melanina resulta em olhos mais claros, como os azuis. Além da influência genética, também é essencial observar que a aparência da cor da íris pode variar devido à refração da luz na melanina. Assim, os olhos geralmente parecem castanhos, com tons que vão desde o castanho claro até quase preto, dependendo da concentração do pigmento. Tonalidades como azul, cinza ou verde são atribuídas a uma dispersão de luz semelhante à dispersão de Rayleigh, que também explica a cor azul do céu, juntamente com fatores estruturais específicos do olho, como diferentes níveis de colágeno. Isso significa que o espectro de cores possíveis para os olhos é limitado, concentrando-se principalmente em variações e combinações de marrom, azul, verde e cinza.

### A cor da íris dos olhos

A cor da íris humana, conforme descrito por Venturieri & Rosa (2010), apresenta uma variação que vai desde o azul claro, passando pelo verde, até o quase negro. Contudo, na íris humana não há pigmentos azul, verde ou preto. A coloração dos olhos é determinada pela distribuição de um único pigmento marrom, a melanina, responsável também pela cor da pele e dos cabelos. A íris possui duas camadas pigmentadas: uma mais profunda e outra superficial. Quando há pouca ou nenhuma presença de pigmento na camada superficial, a íris adquire uma aparência azul. Este efeito ocorre devido à dispersão da luz na camada frontal, contrastada com o fundo escuro rico em melanina, num fenômeno semelhante ao do céu parecer azul por conta da dispersão da luz no ar contra o espaço negro. Com o aumento da melanina na camada frontal, a tonalidade da íris pode evoluir para verde (resultado da combinação do azul com marrom amarelado), marrom e, eventualmente, quase negra. A síntese desse pigmento na região frontal da íris está possivelmente sob controle de dois ou mais pares de genes, sendo que cada gene

possui dois alelos com dominância incompleta. Essa interação genética pode dar origem a sete categorias distintas de cores de íris (Figura 1).

### **Padrão 1. Iris Marrom**

Os olhos com a íris marrom podem ser encontrados em apenas 1% da população. Quem possui olhos com a íris marrom tem excesso de melanina na íris, fazendo com que ela tenha uma aparência muito escura. Essa coloração é mais comum no continente asiático e africano.

### **Padrão 2. Iris Castanho**

Os olhos com a íris castanho se distribuem em cerca de 80% da população mundial. Olhos castanhos sempre foram considerados dominantes entre os genes, mas estudos recentes mostram que nem sempre isso é verdade. Curiosamente, algumas pesquisas mostram que os olhos castanhos, na verdade, são olhos azuis com uma camada extra de melanina. Essa maior concentração de pigmento faz com que o azul fique escondido, resultando no tom castanho que a gente vê.

### **Padrão 3. Iris Avelã**

Os olhos com a íris de cor avelã é devido a uma combinação da dispersão da luz e uma quantidade moderada de melanina na camada de borda anterior da íris. Olhos avelã são atualmente os olhos mais mal entendidos por serem um dos mais raros. São formados pela mistura de três cores: castanho, âmbar e verde escuro, e raramente azul na parte mais externa da íris. Constituem apenas 1-2% da população mundial. É uma cor de íris que se caracteriza pela combinação de marrom, verde e dourado, com uma aparência que pode variar dependendo da luz e do ambiente. Essa variação na cor é causada pela mistura de diferentes níveis de melanina e pela forma como a luz é dispersa na íris.

### **Padrão 4. Iris Âmbar**

Os olhos com a íris de cor Âmbar, ocre ou mel são também conhecidos em algumas regiões como olhos de lobo. Apresentam um único tom ou qualquer um dos tons do âmbar, que vão do vermelho-alaranjado até o amarelo claro passando pelo laranja-amarelado, isto podendo ser devido à deposição do pigmento amarelo chamado lipocromo na íris, que também é encontrado em olhos verdes (a deposição de lipocromo em olhos azuis torna-os esverdeados).

No Brasil, quando são amarelados, recebem o nome de “olhos cor de mel”, já quando são vermelhos-alaranjados podem receber outros nomes a depender da região, se diferenciam dos olhos avelã por não apresentarem tons de verde em sua composição. O âmbar é a terceira cor natural dos olhos mais rara depois do verde e do cinza, sendo que 5% da população mundial a possui. Pessoas com essa cor de olhos são encontradas na região dos Balcãs, sul da França, Península Ibérica, Itália e Hungria, e em menor número no Oriente Médio, Norte da África e América do Sul.

### **Padrão 5. Iris Verde**

A cor verde da íris dos olhos é uma das mais raras do mundo, presente em apenas cerca de 2% da população mundial. O que diferencia os olhos verdes é a quantidade de melanina: eles têm mais melanina do que os olhos azuis, mas menos do que os olhos castanhos. Os olhos verdes possuem menos melanina que os castanhos, mas mais que os azuis e cinza.

### **Padrão 6. Iris cinza.**

Os olhos com a íris de cor cinza são raros, sendo uma variação dos olhos azuis, sempre mais claros, possuindo menos melanina. Tendo como característica a sua versatilidade, olhos cinza parecem mudar de cor dependendo das cores que o cercam. Visualmente, eles parecem variar de cor entre os tons de azul, verde e cinza, dependendo da iluminação e das cores do ambiente. Está presente em cerca de 3% da população mundial. É uma característica genética de pessoas nascidas na Rússia Europeia, Bielorrússia, Suécia, Ucrânia, Países Bálticos e Finlândia.

### **Padrão 7. Iris Azuis**

Os olhos com a cor azul resultam da baixa quantidade de melanina na íris e da presença de lipocromo. A cor azul é um resultado de como a luz é refletida e dispersada pela íris. Cerca de 10% da população mundial tem olhos azuis, com uma maior incidência em pessoas de origem nórdica e escandinava. Diante disso, países como Suécia, Noruega e Dinamarca têm uma alta concentração de indivíduos com olhos azuis. Inclusive, estudos mostram que cerca de 80% da população nesses países possui essa característica, o que reflete os caracteres genéticos predominantes na região.

### **Modelo didático proposto simulando sete graus de pigmentação da íris do olho humano.**

O modelo didático apresentado (Figura 1) foi desenvolvido com base em extensivos estudos que envolveram representações práticas e fontes de informações acessíveis. O objetivo central é oferecer aos professores de biologia materiais simples de manipular, produzir e aplicar, promovendo assim a formação de habilidades como consciência crítica, responsabilidade e interesse pela pesquisa, elementos fundamentais para construir a base de um bom estudante. A estratégia adotada para o estudo consistiu na coleta de dados baseada em uma pesquisa (Figuras 1 e 2) que analisou variações fenotípicas graduais associadas a sete graus de pigmentação da íris. Dois fenótipos extremos foram identificados: cor marrom e azul. Com o acréscimo de diferentes alelos ao genótipo, as tonalidades da íris surgem gradualmente, distribuídas entre as seguintes categorias: 1. marrom, 2. castanho, 3. avelã, 4. âmbar, 5. verde, 6. cinza e 7. azul. É importante ressaltar que os genes responsáveis por essas características não seguem uma relação convencional de dominância ou recessividade, o que favorece essa transição progressiva dos fenótipos à medida que se aproximam ou se afastam dos extremos genotípicos. Para facilitar o aprendizado, foi fornecido previamente a cada aluno um material impresso em papel A4 contendo a Figura 1 e a Tabela 2. Essas representações simulavam imagens da íris humana e ilustravam as diferentes tonalidades presentes nas cores da íris do olho humano.

Graus de pigmentação que compõem a íris dos olhos na espécie humana						
1	2	3	4	5	6	7
Marrom	Castanho	Avelã	Âmbar	Verde	Cinza	Azul

**Figura 1.** Modelo didático confeccionado com perspectivas de utilização no processo de ensino e aprendizagem de genética quantitativa, ilustrando sete graus de pigmentação que apresentam distribuição contínua das variações de fenótipos atribuída a fatores genéticos, incluindo genes aditivos (Fonte: Os autores, 2023).

A Tabela 1 foi utilizada como ferramenta para a coleta de dados relacionados às características hereditárias, com o apoio de imagens apresentadas na Figura 1. Ela possibilita o armazenamento e a análise genética das possíveis combinações de classes de genótipos geradas a partir da aplicação da Figura 1.

**Tabela 1.** Utilizada para a organização das possíveis combinações de classes de genótipos obtidos a partir da aplicação da Figura 1.

Fenótipos da íris dos olhos	Nº Genes aditivos	Nº Genes não aditivos	Combinações genotípicas possíveis
1	Marrom		
2	Castanho		
3	Avelã		
4	Âmbar		
5	Verde		
6	Cinza		
7	Azul		

### Estratégia de resolução

#### Cálculo das Classes Fenotípicas e Genotípicas

O cálculo da herança quantitativa, ou herança poligênica, consiste em determinar tanto o número de fenótipos possíveis quanto a frequência esperada dos fenótipos extremos. Esse processo leva em conta o número de pares de genes que influenciam a característica em questão, geralmente empregando fórmulas matemáticas e o princípio do binômio de Newton.

## 1. Cálculo do Número de Fenótipos:

Para determinar a quantidade de fenótipos em uma herança quantitativa, aplica-se a fórmula: número de fenótipos =  $2n + 1$ , onde "n" representa o número de pares de alelos envolvidos. Assim, para identificar o número de pares de genes possíveis, é necessário calcular o total de classes fenotípicas existentes na população, subtrair um e, em seguida, dividir o resultado por dois.

$$\text{Nº Pares genes} = \frac{\text{Nº Classes fenotípicas} - 1}{2}$$

## 2. Frequência Esperada dos Fenótipos Extremos:

Os caracteres quantitativos, também conhecidos como poligênicos, são controlados por múltiplos genes, sendo cada um deles sujeito à segregação conforme as leis de Mendel. Ao analisar uma população segregante, é possível perceber que os caracteres de herança quantitativa exibem uma distribuição contínua de fenótipos. Isso significa que, entre os extremos do espectro fenotípico observados na população, há uma grande variedade de fenótipos cuja separação em classes distintas se torna complicada. Para os fenótipos extremos, que representam os mais e menos expressivos, a frequência esperada é calculada utilizando a fórmula  $F = 1 / 4^n$ , onde "n" corresponde ao número de pares de genes envolvidos.

O método binomial, também conhecido como distribuição binomial, é uma ferramenta estatística essencial utilizada para modelar e prever a distribuição de fenótipos em populações. Sua aplicação consiste em determinar a probabilidade de observar um determinado número de indivíduos com um fenótipo específico, levando em conta um número fixo de tentativas e uma probabilidade constante de sucesso ou manifestação do fenótipo em cada tentativa. Com base nisso, a Genética Quantitativa cria modelos que permitem calcular o impacto de cada tipo de interação gênica.

Portanto, o binómio ajuda a determinar a probabilidade de ocorrência de diferentes fenótipos em uma população, facilitando a compreensão da genética mendeliana e da herança de características.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

A cor dos nossos olhos é determinada por uma complexa interação de genes herdados de nossos pais. Não existe um sistema de classificação amplamente reconhecido para a cor da íris. Observadores diferentes podem categorizar a cor da íris de uma pessoa de forma diferente. Portanto, estabelecer um sistema de classificação preciso e objetivo pode ter implicações importantes para futuras pesquisas e tratamentos de algumas doenças oculares e características oculares. Além disso, os estudos atuais se concentraram principalmente em olhos de pessoas brancas, enquanto a cor da íris de outros grupos étnicos, como a dos asiáticos, é difícil de classificar, pois é bastante diferente da dos brancos. Nesse sentido, um software de classificação assistida por computador pode ser útil para classificar a cor da íris em todos os grupos étnicos de forma automática e objetiva (HONG-PENG; YI; CHEN-WEI, 2014).

Analizar um exemplo concreto de uma característica humana poligênica pode ser complexo, principalmente porque seria necessário monitorar dezenas ou até centenas de pares de alelos diferentes. Entretanto, é possível considerar a tonalidade da íris do olho humano como exemplo, visto que diversos genes com alelos que se combinam contribuem para essa

característica. Esses alelos atuam conjuntamente para formar um espectro variado de fenótipos, como ilustrado na Figura 1. Nesse contexto, é crucial examinar a distribuição da variação fenotípica para compreender melhor o comportamento dos genes e alelos envolvidos. Há situações em que um alelo apresenta dominância sobre outro, e outras em que ambos se manifestam de maneira equilibrada nos indivíduos. Esses diferentes padrões ajudam a explicar a diversidade no resultado final da característica poligênica.

No contexto apresentado na Figura 1, a cor da íris dos olhos varia principalmente entre tons de marrom e azul, embora existam diferentes nuances que dependem de cada indivíduo. Essa interação genética, determinada por herança poligênica, ocorre de maneira gradual, abrangendo dois fenótipos extremos: íris marrom e íris azul. À medida que diferentes alelos se incorporam ao genótipo, as tonalidades da íris variam progressivamente entre marrom, castanho, avelã, âmbar, verde, cinza e azul, conforme mostrado na Figura 1. Vale destacar que os genes envolvidos não demonstram uma relação de dominância ou recessividade entre si, permitindo a transição suave dos fenótipos conforme eles se aproximam ou se distanciam de determinados extremos genotípicos. Conforme Baiotto et al. (2016), isso ajuda o aluno a entender que a ampla diversidade de colorações da íris é fruto de uma determinação poligênica, onde diversos genes contribuem simultaneamente para a característica observada.

### Cálculo do número de genes

Se existem  $n$  genes com alelos aditivos segregantes, podemos esperar  $2n + 1$  classes fenotípicas. Logo, o número de genes envolvidos no controle de um caráter quantitativo pode ser determinado conhecendo-se o aspecto fenotípico. Então, para entender a variação das cores da íris dos olhos humanos e descobrir quantos pares de genes podem existir (Figura 1), basta contar quantas diferentes tonalidades há na população. Depois, é só subtrair um desse número e dividir por dois.

$$\text{Nº Pares genes} = \frac{\text{Nº Classes fenotípicas} - 1}{2}$$

Para determinar quantos pares de genes estão envolvidos no controle das tonalidades de cor da íris, é necessário identificar o número de classes fenotípicas presentes na população conforme mostrado na Figura 1, subtrair um desse valor e dividir o resultado por dois. No caso ilustrado na Figura 1, o número de classes fenotípicas distintas, que variam entre marrom e azul, é sete. Assim, conclui-se que três pares de genes, ou seis alelos, participam na formação desses sete fenótipos diferentes: 1. marrom, 2. castanho, 3. avelã, 4. âmbar, 5. verde, 6. cinza e 7. azul.

$$\text{Nº Pares genes} = \frac{7 - 1}{2} = 3$$

Nesta interação (Figura 1), os genes apresentam expressão independente, e cada um contribui de forma aditiva para a definição do fenótipo. Assim, três pares de genes autossômicos localizados em loci independentes — M/m, C/c e A/a — atuam de forma combinada, com cada gene exercendo um efeito aditivo. Os alelos que intensificam a pigmentação da íris são M, C e A, contribuindo igualmente para escurecer sua coloração. Esses genes dominantes apresentam um padrão de dominância incompleta em relação aos alelos recessivos m, c e a, que, ao contrário, estão associados à redução da pigmentação da íris.

Nesse caso, uma pessoa com íris marrom apresentaria o genótipo MMCCAA, enquanto alguém com íris azul teria mmccaa. Já uma cor intermediária da íris seria observada em indivíduos com genótipo MmCcAa. Os alelos que determinam a íris de tonalidade mais escura são simbolizados por letras, sendo que as maiúsculas representam alelos incompletamente dominantes. Com isso, quanto maior o número de "letras maiúsculas" no padrão genético, mais escura será a cor da íris; por outro lado, uma predominância de "letras minúsculas" indica uma tonalidade mais clara. Nesse tipo de herança genética, cada alelo efetivo, identificado pelas letras maiúsculas (M, C e A), contribui com o mesmo grau de intensidade ao fenótipo. Por sua vez, os alelos representados por letras minúsculas (m, c e a) são considerados inefetivos. Além disso, esses genes não estabelecem relações de dominância ou recessividade entre si, resultando em uma graduação suave nos fenótipos conforme se aproxima ou se distancia de um extremo genotípico. Para calcular a influência de cada alelo no fenótipo, basta dividir a diferença total entre os extremos fenotípicos pelo número total de alelos. Assim, obtém-se o quanto cada alelo contribui para o grau de expressão fenotípica: (Fenótipo máximo – Fenótipo mínimo) ÷ número de alelos.

Na Figura 1, observa-se que a distribuição dos fenótipos, caracterizada por esse tipo de herança, é do tipo contínua, permitindo a identificação de cinco fenótipos intermediários. A tonalidade máxima é atingida em indivíduos que possuem todos os alelos dominantes (MMCCAA), enquanto a tonalidade mínima ocorre na presença exclusiva de alelos recessivos (mmccaa). Nesse modelo, o genótipo MMCCAA está associado a íris marrom, enquanto o genótipo mmccaa corresponde à íris azul. Não há relação de dominância entre os alelos envolvidos; a ação destes é de natureza aditiva, fazendo com que a cor da íris dependa da quantidade de alelos mais ou menos ativos na síntese de melanina. Assim, o padrão descrito é representativo de um modelo típico de herança quantitativa.

Na Tabela 1 apresentada, demonstra-se o cálculo que evidencia essa interação. Os genótipos que determinam cada fenótipo revelam que a íris marrom, com pigmentação máxima, resulta de 6 genes aditivos (dominantes), enquanto a íris azul, com pigmentação mínima, deriva de 6 genes não aditivos (recessivos). Os fenótipos intermediários são definidos pelo número variável de alelos aditivos. Por exemplo, a íris castanha está ligada a 5 genes aditivos e 1 não aditivo; a íris avelã resulta de 4 genes aditivos e 2 não aditivos; a cor âmbar provém de 3 genes aditivos e 3 não aditivos; a íris verde decorre de 2 genes aditivos e 4 não aditivos; por fim, a íris cinza surge devido a 1 gene aditivo e 5 não aditivos.

Nesse modelo, cada gene aditivo, representado por letras maiúsculas (M, C e A), contribui igualmente para o aumento da intensidade da pigmentação. Já os alelos recessivos, indicados pelas letras minúsculas (m, c e a), são fenotipicamente inefetivos. Esse mecanismo segue o princípio em que cada alelo possui um efeito fenotípico modesto, somado aos efeitos dos demais alelos presentes. Importante destacar que os impactos dos alelos operam de maneira independente entre si (RAMALHO et al., 1994).

**Tabela 2. Valor individual dos alelos que contribuem para a variação contínua dos fenótipos conforme ação aditiva de genes.**

Classes Fenotípicas	Marrom	Castanho	Avelã	Âmbar	Verde	Cinza	Azul
	6	5	4	3	2	1	0
Nº Genes Aditivos	0	1	2	3	4	5	6
Nº Genes Não Aditivos	6	6	6	6	6	6	6
Nº Total de Genes	6	6	6	6	6	6	6

## Cálculo do número de classes genotípicas

A herança da cor da íris no olho humano possui uma significativa variabilidade genotípica. Para calcular o número total de classes genotípicas envolvidas nesse tipo de herança, pode-se utilizar a seguinte fórmula:

$$\text{Nº Classes genotípicas} = 3^n$$

Assim, é possível calcular quantas classes genotípicas são necessárias para formar os sete fenótipos diferentes. Para isso, usamos a letra  $n$ , que representa o número de pares de genes, da seguinte maneira:

$$\text{Nº Classes genotípicas} = 3^3 \text{ pares de genes} = 27 \text{ classes genotípicas diferentes}$$

Portanto, usando a fórmula ( $3^n$ ) e considerando os três pares de genes M/m, C/c e A/a que influenciam as sete classes de fenótipos da íris do olho humano, teremos um total de 27 classes genotípicas diferentes.

Na Tabela 3, encontram-se os genótipos envolvidos. Assim, teremos: 1 genótipo com fenótipo extremo (MMCCAA), 3 genótipos com fenótipo intermediário (MMCCAa, MMCcAA e MmCCAA), 6 genótipos com fenótipo intermediário (MMCCaa, MMCcAa, MmccAA, MmCcAA, MmCCAa e mmCCAA), 7 genótipos com fenótipo intermediário (MMCcaa, MMccAa, MmCCaa, MmCcAa, MmCcAA, mmCCAa e mmCcAA), 6 genótipos com fenótipo intermediário (MMccaa, MmccAa, MmCcaa, mmCCaa, mmCcAa e mmccAA), 3 genótipo com fenótipo intermediário (Mmccaa, mmCcaa e mmccAa) e 1 genótipo com fenótipo extremo (mmccaa).

Observou-se que há mais genótipos que se encaixam nos fenótipos intermediários entre o castanho e o cinza, enquanto os fenótipos extremos (marrom e azul) são menos comuns. Os alelos representados por letras maiúsculas (M, C e A) controlam a produção de grande quantidade de pigmentos de melanina, enquanto os alelos representados por minúsculas (m, c e a) levam à produção de menor quantidade de pigmentos. Assim, a pessoa de genótipo MMCCAA tem a íris do olho marrom, enquanto a pessoa de genótipo mmccaa tem a íris azul, embora apresente certa quantidade de melanina. A quantidade dos genes M, C ou A determina a “intensidade” do fenótipo.

**Tabela 3. Categorias genotípicas possíveis associadas a coloração da íris do olho humano.**

Fenótipos da íris dos olhos			Combinações genotípicas possíveis						
1		Marrom	MMCCAA						
2		Castanho	MMCCAa MMCCAA MmCCAA						
3		Avelã	MMCCaa MMCCaA MMCCAA MmCcAA MmCCAA mmCCAA						
4		Âmbar	MMCcaa MMCCaA MmCCaa MmCcAA MmccAA mmCCAA mmCcAA						
5		Verde	MMccaa MmccAA MmCcAA mmCCaa mmCcAA mmccAA						
6		Cinza	Mmccaa mmCCaa mmccAA						
7		Azul	mmccaa						

A Tabela 4, mostra a fórmula para determinar o número de organizações possíveis, combinando alelos aditivos (M, C e A) que determinam a produção de grande quantidade de pigmentos de melanina e não aditivos (m, c e a) que não acrescentam pigmentos a íris do olho, foi possível utilizar cálculos matemáticos para prever as possibilidades de um indivíduo herdar as características dos seus ascendentes ou de transmitir as características aos seus descendentes. Isso permite saber se uma dada característica é ou não hereditária e de que modo ela é herdada. Sendo que um par de genes alelos, um veio do pai e o outro veio da mãe, com essas informações definimos de que forma as características foram herdadas. Na Tabela 4, observa-se a representação esquemática das sete classes fenotípicas (marrom, castanho, avelã, âmbar, verde, cinza ou azul), onde para cada imagem analisa-se o número total de combinações possíveis que poderiam ser geradas quanto as quantificações de genes aditivos e não aditivos que determinam a produção de pigmentos de melanina que está caracterizando a classe fenotípica da cor da íris daquela imagem de olho. Portanto, foi aplicada a fórmula da combinação  $C_{(n,p)}$  para calcular os fatoriais necessários.

Para entender a fórmula, sabemos que a cor do olho humano, ou seja, a pigmentação da íris, é dada pelo pigmento melanina. Quem apresenta menor quantidade de pigmento, tem olhos claros, ao contrário de quem tem maior quantidade do pigmento e, portanto, olhos escuros. Assim, calcularemos as potências de um binômio com os expoentes determinados pela interação de genes aditivos e não aditivos, de tal forma que os fenótipos: marrom, castanho, avelã, âmbar, verde, cinza ou azul, dependerá da quantidade de alelos que contribuem com o efeito cumulativo de pigmento, ou seja, quanto maior o número de genes dominantes, maior a intensidade de melanina na cor da íris. Assim, as proporções de cada classe fenotípica podem ser estimadas com base no número de genes aditivos e não aditivos envolvidos na composição da classe genotípica definida pelas tonalidades das cores (Tabela 5):

1. Marrom (com 6 genes acrescentadores);
2. Castanho (com 5 genes acrescentadores);
3. Avelã (com 4 genes acrescentadores);
4. Âmbar (com 3 genes acrescentadores);
5. Verde (com 2 genes acrescentadores);
6. Cinza (com 1 gene acrescentador);
7. Azul (com nenhum gene acrescentador).

Portanto, teremos que calcular cada uma das combinações de genes aditivos e não aditivos. As combinações: C<sub>6,0</sub>, C<sub>5,1</sub>, C<sub>4,2</sub>, C<sub>3,3</sub>, C<sub>2,4</sub>, C<sub>1,5</sub> e C<sub>0,6</sub> indica de quantas formas distintas é possível escolher dois elementos de um grupo de 6, digamos os genes aditivos e não aditivos.

O binômio de Newton, um conceito da matemática, tem várias aplicações em genética, ajuda a determinar a probabilidade de ocorrência de diferentes fenótipos como no caso da herança da coloração da íris do olho humano em uma população, facilitando a compreensão. Os fenótipos da íris se distribuíram segundo os coeficientes do desenvolvimento do binômio ( $p + q)^n$ , em que p representa os genes aditivos (M, C e A), q representa os genes que não condicionaram acréscimo ao fenótipo (m, c e m) e n representa o número de genes envolvidos (n = 6).

De uma forma geral, quando o expoente é n podemos escrever a fórmula do desenvolvimento do Binômio de Newton da seguinte forma:

1. Coloque “pq +” por 7 vezes, o que ilustra o total de “pq”, igual ao número de fenótipos encontrados de coloração da íris: pq + pq + pq + pq + pq + pq + pq

2. Coloque os expoentes dos “pq” iniciando-se pelo do p que é sempre igual ao número de genes aditivos em ordem decrescente:  $p^6 q + p^5 q + p^4 q + p^3 q + p^2 q + p^1 q + p^0 q$

3. Em seguida, coloque os expoentes dos q que é sempre igual ao número de genes não aditivos em ordem crescente:  $p^6 q^0 + p^5 q^1 + p^4 q^2 + p^3 q^3 + p^2 q^4 + p^1 q^5 + p^0 q^6$ .

Desse modo, observa-se que além dos coeficientes darem as proporções, os expoentes podem ser interpretados da seguinte maneira:  $p^6 q^0$  significa a presença de 6 alelos aditivos,  $p^5 q^1$  a presença de 5 alelos aditivos e 1 não aditivo, e assim por diante.

4. Por último, note que esse é um problema de combinação, pois a ordem não é importante e estamos selecionando parte do conjunto. Portanto, calcular as combinações possíveis é contar quantos subconjuntos podemos formar com parte dos elementos do conjunto (gene aditivo e não aditivo). Assim, como o coeficiente do binômio é sempre uma combinação. A fórmula para determinar o número de organizações possíveis combinando alelos aditivos e não aditivos foi expressa na Tabela 4.

Assim, para saber o número total de combinações de classes genotípicas que são possíveis entre alelos aditivos e não aditivos de cada classe fenotípica da íris, basta realizar a substituição na fórmula e calcular os fatoriais necessários. Desse modo, o primeiro passo é identificar o valor de n e de p e substituir na fórmula. No caso temos n = 6 e p = 6, 5, 4, 3, 2, 1 e 0.

Resumindo, o desenvolvimento de uma expressão matemática, como a binomial, dá como resultado todas as possíveis combinações de p e q em n eventos. Portanto para calcular todas as combinações possíveis de três pares (6) genes, conforme a descrição das várias classes fenotípicas ( $p + q)^6$  serão tomados da seguinte forma:

$$(p + q)^6 = \binom{6}{0} p^6 q^0 + \binom{5}{1} p^5 q^1 + \binom{4}{2} p^4 q^2 + \binom{3}{3} p^3 q^3 + \binom{2}{4} p^2 q^4 + \binom{1}{5} p^1 q^5 + \binom{0}{6} (p^0 q^6)$$

**Tabela 4. Fórmula para determinar o número de organizações possíveis, combinando alelos aditivos e não aditivos que interferem na produção de pigmentos de melanina, envolvidos na composição da coloração da íris do olho humano.**

Fenótipos da íris dos olhos	Nº Genes aditivos	Nº Genes não aditivos	Calculo de multiplicadores dos termo do binômio
1  Marrom	6	0	$\binom{6}{0} = (p^6q^0) = \frac{n!}{p!(n-p)!}$ $C_{6,0} = \frac{6!}{6!(6-6)!}$
2  Castanho	5	1	$\binom{5}{1} = (p^5q^1) = \frac{n!}{p!(n-p)!}$ $C_{6,1} = \frac{6!}{5!(6-5)!}$
3  Avelã	4	2	$\binom{4}{2} = (p^4q^2) = \frac{n!}{p!(n-p)!}$ $C_{6,2} = \frac{6!}{4!(6-4)!}$
4  Âmbar	3	3	$\binom{3}{3} = (p^3q^3) = \frac{n!}{p!(n-p)!}$ $C_{6,3} = \frac{6!}{3!(6-3)!}$
5  Verde	2	4	$\binom{2}{4} = (p^2q^4) = \frac{n!}{p!(n-p)!}$ $C_{6,4} = \frac{6!}{2!(6-2)!}$
6  Cinza	1	5	$\binom{1}{5} = (p^1q^5) = \frac{n!}{p!(n-p)!}$ $C_{6,5} = \frac{6!}{1!(6-1)!}$
7  Azul	0	6	$\binom{0}{6} = (p^0q^6) = \frac{n!}{p!(n-p)!}$ $C_{6,6} = \frac{6!}{0!(6-0)!}$
Equação de expansão binomial		$(p+q)^6 = \binom{6}{0} p^6q^0 + \binom{5}{1} p^5q^1 + \binom{4}{2} p^4q^2 + \binom{3}{3} p^3q^3 + \binom{2}{4} p^2q^4 + \binom{1}{5} p^1q^5 + \binom{0}{6} (p^0q^6)$	

A Tabela 5 apresenta a distribuição das sete categorias fenotípicas (marrom, castanho, avelã, âmbar, verde, cinza ou azul), onde para cada imagem é avaliado o total de combinações possíveis que poderiam surgir em relação às quantificações dos genes aditivos e não aditivos que condicionam a produção de melanina, que definem a classe fenotípica da cor da íris naquela imagem ocular. Assim, foi utilizada a fórmula da combinação  $C(n,p)$  para determinar os fatoriais necessários (Tabela 4). O segundo passo consistiu na simplificação do fatorial, multiplicando o numerador por todos os números anteriores até chegar ao maior fatorial do denominador. Neste caso, iremos simplificar 6! multiplicando 6 pelos números que o precedem até chegar a 1! e realizando a simplificação tanto no numerador quanto no denominador. O terceiro passo envolveu a multiplicação do numerador e o cálculo do fatorial do denominador, seguido pela divisão.

Para determinar o total de combinações possíveis, é necessário somar os coeficientes: 1, 6, 15, 20, 15, 6 e 1, que representam a distribuição fenotípica. No contexto da cor da íris nos olhos humanos, encontramos um total de  $1 + 6 + 15 + 20 + 15 + 6 + 1 = 64$  combinações de classes genotípicas, sendo que as características extremas teriam uma frequência de 1 em 64. Assim, espera-se que, entre 64 indivíduos, haja 1/64 com íris marrom, 6/64 com íris castanho, 15/64 com íris avelã, 20/64 com íris âmbar, 15/64 com íris verde, 6/64 com íris cinza e 1/64 com íris azul, resultando na proporção de 1: 6: 15: 20: 15: 6: 1.

Notou-se, ainda, que além dos coeficientes apresentarem todas as possíveis combinações entre os alelos na proporção de 1: 6: 15: 20: 15: 6: 1, os expoentes podem ser compreendidos da seguinte forma:  $1 p^6 q^0 + 6 p^5 q^1 + 15 p^4 q^2 + 20 p^3 q^3 + 15 p^2 q^4 + 6 p^1 q^5 + 1 p^0 q^6$  a qual representa a expansão do binômio  $(p+q)^6$ . Em que pode ser identificada a razão de 1:6:15:20:15:6:1 de combinações entre diferentes alelos, que resultam nos sete fenótipos, a saber, marrom, castanho, avelã, âmbar, verde, cinza ou azul, que se distribuem conforme os coeficientes do desenvolvimento de  $(p+q)^6$ . Neste contexto, p refere-se aos genes que determinam a presença de pigmentos na cor da íris (M, C e A), enquanto q se refere aos genes que não influenciam o aumento de pigmentos (m, c e a), e 6 é o total de genes envolvidos (M,

$m$ ,  $C$ ,  $c$ ,  $A$ ,  $a$ ). Assim, ao designar por  $p$  os alelos que promovem pigmentos ( $M$ ,  $C$  e  $A$ ) e por  $q$  aqueles que não induzem acréscimos de pigmento ( $m$ ,  $c$  e  $a$ ), e ao aplicarmos o binômio de Newton com  $n = 6$  (que é o número de letras representando os alelos), teremos sete combinações possíveis a serem formadas:  $p^6q^0$ , que indica a presença de 6 alelos aditivos (MMCCAA);  $p^5q^1$ , com 5 alelos aditivos e 1 não aditivo (MMCCAA, MMCCaA e MmCCAA);  $p^4q^2$ , que combina 4 alelos aditivos e 2 não aditivos (MMCCaa, MMCCaA, MmccAA, MmCcAA, MmCCAa e mmCCAA);  $p^3q^3$ , com 3 alelos aditivos e 3 não aditivos (MMCcaa, MMccAA, MmCCaa, MmCcAA, MmCCAA, mmCCAA, mmCCaA e mmCcAA);  $p^2q^4$ , envolvendo 2 alelos aditivos e 4 não aditivos (MMccaa, MmccAA, MmCcaa, mmCCaa, mmCcAA e mmccAA);  $p^1q^5$ , que conta com 1 alelo aditivo e 5 não aditivos (Mmccaa, mmCcaa e mmccAA); e  $p^0q^6$ , que representa 6 alelos não aditivos (mmccaa).

Notou-se que as menores combinações obtidas foram dos fenótipos extremos: 1  $p^6q^0$  de íris marrom (MMCCAA) e 1  $p^0q^6$  de íris azuis (mmccaa), sendo que a cor intermediaria 20  $p^3q^3$  de íris âmbar (MMCcaa, MMccAA, MmCCaa, MmCcAA, MmccAA, mmCCAa e mmCcAA) apareceu com maior combinação. Esses fenótipos se distribuem segundo os coeficientes do desenvolvimento do binômio de Newton ( $p + q)^n$ , em que  $p$  representa os genes aditivos ( $M$ ,  $C$  e  $A$ ),  $q$  representa os genes que não condicionam acréscimo ao fenótipo ( $m$ ,  $c$  e  $a$ ) e  $n$  representa o número de genes envolvidos ( $n = 6$ ). Desse modo temos equação (Tabela 5):

$$(p + q)^6 = 1 p^6q^0 + 6 p^5q^1 + 15 p^4q^2 + 20 p^3q^3 + 15 p^2q^4 + 6p^1q^5 + 1 p^0q^6$$

Observa-se que há 64 combinações genotípicas diferentes, sendo que chama-se de  $p$  o número de genes efetivos ( $M$ ,  $C$  ou  $A$ ) e de  $q$  o número de genes não efetivos ( $m$ ,  $c$  ou  $a$ ): 1 Marrom com 6 genes efetivos e 0 não efetivo (1  $p^6q^0$ ), 6 Castanho com 5 genes efetivos e 1 não efetivo (6  $p^5q^1$ ), 15 Avelã com 4 genes efetivos e 2 não efetivos (15  $p^4q^2$ ), 20 Âmbar com 3 genes efetivos e 3 não efetivos (20  $p^3q^3$ ), 15 Verde com 2 genes efetivos e 4 não efetivos (15  $p^2q^4$ ), 6 Cinza com 1 gene efetivo e 5 não efetivos (6  $p^1q^5$ ) e 1 Azul com 0 gene efetivo e 6 não efetivos (1  $p^0q^6$ ).

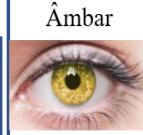
**Tabela 5. Ilustração da distribuição das sete classes fenotípicas (marrom, castanho, avelã, âmbar, verde, cinza ou azul), com base nos coeficientes do desenvolvimento de  $(p + q)^6$ , onde para cada imagem é avaliado o total de combinações possíveis que poderiam surgir em relação às quantificações dos genes aditivos e não aditivos que induzem a produção de melanina que definem a classe fenotípica da cor da íris do olho humano.**

Fenótipos da íris dos olhos		Calculo de multiplicadores dos termo do binômio	Representação de cada termo do binômio
1		Marrom $C_{6,6} = \frac{6!}{6!(6-6)!} = \frac{6!}{6!0!} = \frac{\cancel{6.5.4.3.2.1}}{\cancel{6.5.4.3.2.1}} = \frac{1}{1} = 1$	$1 p^6q^0$
2		Castanho $C_{6,5} = \frac{6!}{5!(6-5)!} = \frac{6!}{5!1!} = \frac{\cancel{6.5.4.3.2.1}}{\cancel{5.4.3.2.1(1)}} = \frac{6}{1} = 6$	$6 p^5q^1$
3		Avelã $C_{6,4} = \frac{6!}{4!(6-4)!} = \frac{6!}{4!2!} = \frac{\cancel{6.5.4.3.2.1}}{\cancel{4.3.2.1(2.1)}} = \frac{30}{2} = 15$	$15 p^4q^2$
4		Âmbar $C_{6,3} = \frac{6!}{3!(6-3)!} = \frac{6!}{3!3!} = \frac{\cancel{6.5.4.3.2.1}}{\cancel{(3.2.1)3.2.1}} = \frac{30}{6} = 20$	$20 p^3q^3$
5		Verde $C_{6,2} = \frac{6!}{2!(6-2)!} = \frac{6!}{2!4!} = \frac{\cancel{6.5.4.3.2.1}}{\cancel{(2.1)4.3.2.1}} = \frac{30}{2} = 15$	$15 p^2q^4$
6		Cinza $C_{6,1} = \frac{6!}{1!(6-1)!} = \frac{6!}{1!5!} = \frac{\cancel{6.5.4.3.2.1}}{\cancel{(1)5.4.3.2.1}} = \frac{6}{1} = 6$	$6 p^1q^5$
7		Azul $C_{6,0} = \frac{6!}{0!(6-0)!} = \frac{6!}{0!6!} = \frac{\cancel{6.5.4.3.2.1}}{\cancel{6.5.4.3.2.1}} = \frac{1}{1} = 1$	$1 p^0q^6$
Equação de expansão binomial		$(p + q)^6 = 1 p^6q^0 + 6 p^5q^1 + 15 p^4q^2 + 20 p^3q^3 + 15 p^2q^4 + 6 p^1q^5 + 1 p^0q^6$	

A proporção fenotípica consiste em uma comparação numérica que indica quantos indivíduos apresentam determinado fenótipo em relação a outro. Dessa forma, para os sete fenótipos diferentes da cor da íris dos olhos humanos (Figura 1), é possível calcular a proporção utilizando o teorema binomial ou a expansão de Newton. O uso da equação binomial envolve determinar a probabilidade de obter um certo número de indivíduos com um fenótipo específico, considerando um número fixo de tentativas e uma probabilidade constante de ocorrência do fenótipo desejado em cada tentativa. Tal cálculo é uma ferramenta útil em diversas profissões que demandam análise de dados, planejamento ou tomadas de decisão fundamentadas.

Na Tabela 6, estão descritas as proporções das sete categorias fenotípicas (marrom, castanho, avelã, âmbar, verde, cinza e azul), considerando as quantificações dos genes aditivos e não aditivos da melanina que definem a cor da íris nas imagens analisadas. Assim, para determinar o número total de indivíduos resultantes do cruzamento entre heterozigotos ( $MmCcAa \times MmCcAa$ ) com íris âmbar, basta somar os números de combinações de cada termo do binômio descritos na Tabela 5: 1, 6, 15, 20, 15, 6 e 1. Essas combinações indicam a distribuição fenotípica, resultando em: 1/64 de íris marrom; 6/64 de íris castanha; 15/64 de íris avelã; 20/64 de íris âmbar; 15/64 de íris verde; 6/64 de íris cinza; e 1/64 de íris azul.

**Tabela 6. Proporção esperada de fenótipos na progênie F2 de um de um casal heterozigoto (MmCcAa x MmCcAa, com genes de efeitos iguais e aditivos e não aditivos.**

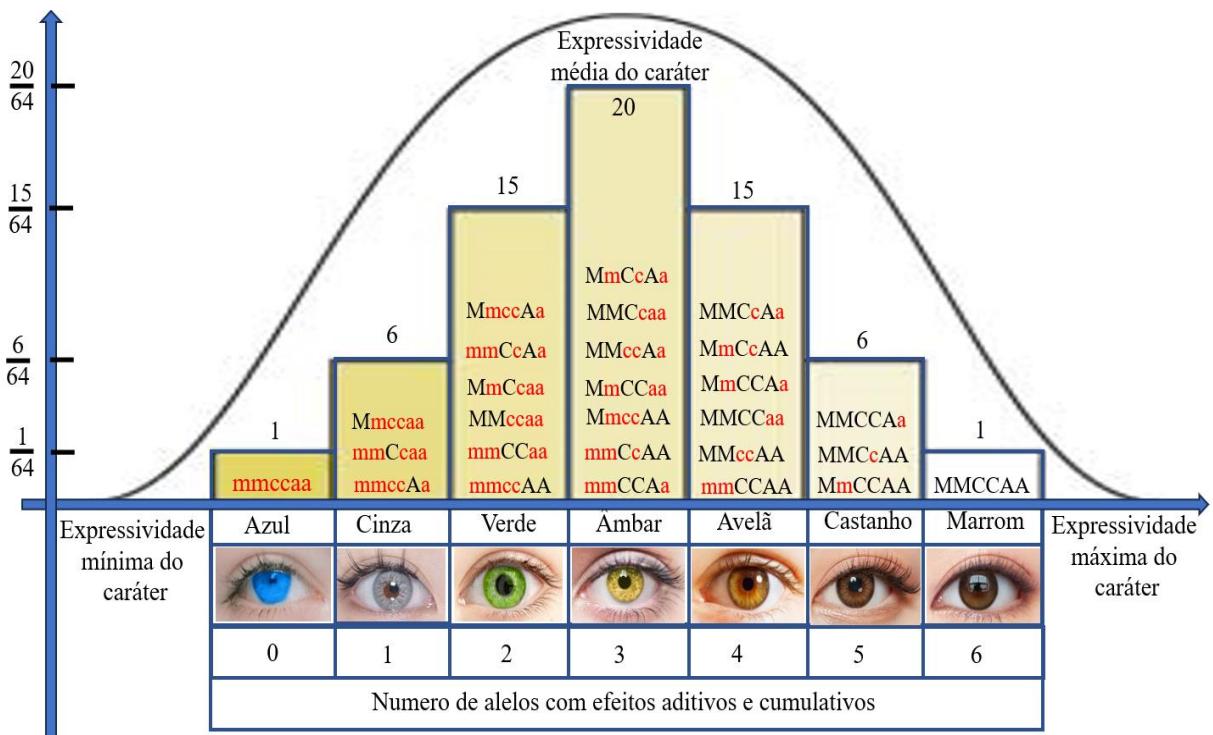
Alelos aditivos	6	5	4	3	2	1	0
Fenótipos e Genótipos				Âmbar	Verde	Cinza	Azul
	Marrom (1) MMCCAA (2) MMC <sub>c</sub> AA (2) MmCCAa	Castanho (2) MMCCAA (2) MMC <sub>c</sub> AA (1) MmCCAa	Avelã (4) MMC <sub>c</sub> Aa (4) MmCcAA (4) MmCCAa (1) MMCCaa (1) MMccAA (1) mmCCAA	 (8) MmCcAa (2) MMC <sub>c</sub> aa (2) MMccAa (2) MmCCaa (2) MmccAA (2) mmCcAA (2) mmCCAA	 (4) MmCcAa (4) mmCcAa (4) MmCcaa (1) MMccaa (1) mmCCaa (1) mmccAA	 (2) Mmccaa (2) mmCcaa (2) mmccAa	 (1) mmccaa
Proporção Fenotípica	$\frac{1}{64}$	$\frac{6}{64}$	$\frac{15}{64}$	$\frac{20}{64}$	$\frac{15}{64}$	$\frac{6}{64}$	$\frac{1}{64}$

A Figura 2 além de explicitar a distribuição dos fenótipos com o número de genes aditivos, destaca as proporções previstas em todos os sete fenótipos e 27 genótipos possíveis com base nos coeficientes do desenvolvimento de  $(p + q)^6$ , onde para cada imagem é avaliado o total de combinações possíveis que poderiam surgir em relação às quantificações dos genes aditivos e não aditivos condicionadores da produção de melanina que definem a classe fenotípica da cor da íris do olho humano.

Observa-se uma curva simétrica em formato de sino, com extremos correspondendo a 1/64 de íris marrom, associada ao genótipo MMCCAA, e 1/64 de íris azuis, relacionada ao genótipo mmccaa. O pico da curva é encontrado em 20/64 de íris âmbar, que podem ter os genótipos MMCcaa, MMccAa, MmCCaa, MmCcAa, MmccAA, mmCCAa ou mmCcAA.

Os genótipos que estão ligados aos fenótipos que mostram os valores médios ocorrem com maior frequência do que os que representam os extremos. As medições são exibidas em uma distribuição em forma de sino. Isso se deve ao fato de que os genes nas populações também seguem uma distribuição binomial. Entretanto, como são diversos os genes que muitas vezes regulam a manifestação de uma característica, sua curva de frequência tende a apresentar um padrão normal, também denominado curva de Gauss.

A curva de Gauss é uma representação gráfica simétrica que demonstra como determinadas características estão distribuídas em uma população, sejam elas comuns ou incomuns. Quanto mais extremas forem as características no gráfico, mais raras elas se tornam. Percebe-se em geral, que a maioria das pessoas possui um traço "central", apresentando uma característica média.



**Figura 2.** Curva populacional demonstrando o efeito aditivo de genes poligênicos na característica responsável pela coloração da íris humana.

Os resultados desta pesquisa mostram que a classificação das cores da íris em humanos (Figura 1) reflete uma relação complexa entre diversos genes. Essa herança genética determina uma ampla gama de fenótipos que vão desde íris claras, como o azul, até íris muito escuras, como o marrom. Entre esses extremos, existem várias tonalidades intermediárias, incluindo castanho, avelã, âmbar, verde e cinza. De acordo com as informações das Tabelas 3 e 6, juntamente com a Figura 2, há 27 genótipos distintos que podem originar diferentes cores. Esses incluem: marrom com apenas um genótipo, castanho com 3, avelã com 6, âmbar com 7, verde com 6, cinza com 3 e apenas um genótipo relacionado à característica azul.

Entender como a genética influencia a cor dos olhos pode ser fascinante, pois revela muito sobre nossa herança genética e ancestralidade. Conforme explicado pelo News-Medical (2017), a cor dos olhos é definida pela quantidade de melanina presente na íris, regulada pelos genes que controlam a distribuição dessa proteína. Uma baixa concentração de melanina resulta em olhos azuis, enquanto uma quantidade moderada origina tonalidades verdes ou castanhas. Já uma elevada concentração de melanina dá aos olhos um tom marrom escuro.

A cor dos olhos representa uma característica de variação contínua, controlada por genes conhecidos como modificadores, já que os alelos de diferentes genes contribuem para a coloração final da íris. Esse processo se dá pela produção de proteínas responsáveis pela regulação da quantidade de melanina depositada na íris. Assim, características que apresentam variações contínuas são denominadas características quantitativas, e suas diferenças fenotípicas recebem o nome de variação quantitativa (GRIFFITHS et al., 2013).

Segundo os estudos de Sturm, Frudakis e Frudakis (2004), bem como Grant & Lauderdale (2002), a coloração da íris é uma característica hereditária influenciada por múltiplos genes que apresentam diferenças sutis. Essas variações resultam de polimorfismos de nucleotídeos únicos, comumente chamados pela sigla em inglês SNP.

Os autores Muinos Diaz et al. (2009) destacaram que a cor da íris é uma característica física essencial dos seres humanos, influenciada pela presença de melanócitos. Esses melanócitos formam o epitélio pigmentar posterior de dupla camada na região posterior da íris

e determinam a tonalidade da borda anterior do estroma da íris por meio do conteúdo de melanina. Além disso, outro fator determinante da cor da íris está relacionado às propriedades espectrais dos componentes presentes na matriz extracelular. De acordo com Hu et al. (1995), a cor da íris se desenvolve completamente durante a infância e permanece praticamente inalterada ao longo da vida adulta. Apesar de os melanócitos isolados da íris em adultos ainda possuírem capacidade de formar melanina, a produção desse pigmento normalmente não ocorre nos estágios avançados do desenvolvimento humano. Complementando, Goiato et al. (2010) ressaltam, com base em estudos epidemiológicos, que a íris humana tende a se tornar mais clara com o avanço da idade. Essa mudança pode estar associada à alteração na morfologia dos grânulos de melanossomo, fenômeno semelhante ao que ocorre com as células epiteliais pigmentares da retina humana durante o processo de envelhecimento.

Observa-se que o modelo didático apresentado (Figura 1) possui um significativo potencial para promover o desenvolvimento de novos conhecimentos de forma gradual, permitindo o acesso ou a facilitação de conteúdos científicos, desde que os professores dominem plenamente tanto a temática em questão quanto as possíveis correlações que podem ser feitas. A representação na forma de distribuição das sete classes fenotípicas (marrom, castanho, avelã, âmbar, verde, cinza e azul) pode ser incorporada ao ensino de genética quantitativa devido à existência de padrões ilustrativos que facilitam a estimativa das contribuições de genes aditivos na variação fenotípica.

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 e associação com o tema, trabalho em grupo, organização, concentração, no qual facilita a criação dos modelos. Portanto, ao se engajarem em pesquisas, os alunos se envolvem diretamente com processos de reflexão, registro, criação e produção de maneira inovadora e significativa. A prática da pesquisa promove o desenvolvimento da autonomia na busca pelo conhecimento. A iniciativa de construir um modelo didático ilustrado com base em sete classes fenotípicas — marrom, castanho, avelã, âmbar, verde, cinza e azul — proporcionou uma aprendizagem tanto interativa quanto crítica. Nesse contexto, os alunos adotaram uma postura ativa ao interpretar e compreender informações, contrastando significativamente com o formato tradicional de aula centrado na exposição de conteúdos pelo professor. Essa metodologia de trabalho alcançou seus objetivos pedagógicos, funcionando como uma atividade socializadora e instrumental na sensibilização para uma compreensão processual e interdisciplinar dos aspectos hereditários relacionados à genética quantitativa.

Para Cavalcante & Silva (2008), os modelos didáticos permitem a experimentação, o que, por sua vez, conduzem os estudantes a relacionar teoria (leis, princípios, etc.) e a prática (trabalhos experimentais). Isto lhes propiciará condições para a compreensão dos conceitos, do desenvolvimento de habilidades, competências e atitudes, contribuindo, também, para reflexões sobre o mundo em que vivem. Portanto, trabalhar conteúdos de Genética baseado em informações reais, através de casos de investigação ou situações cotidianas torna o ensino mais atraente e próximo do aluno, facilitando o entendimento. De fato, os estudantes apresentaram grande interesse pelo tema considerando a amostra prática de imagens e de alguns aspectos que ocorrem nas variações fenotípicas da tonalidade de cores da íris do olho humano como exemplo e da abordagem estatística que o assunto possibilitou para uma interpretação mais completa.

Assim, conforme afirmado por Medeiros, Alves e Kimura (2025), esse tipo de 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.

## CONCLUSÃO

Após examinar os resultados obtidos com a utilização do modelo didático que discute a herança poligênica, que explica a variação fenotípica relacionada a elementos genéticos, especialmente genes aditivos relacionados às diversas cores da íris dos olhos humanos, conclui-se que é fundamental preparar os futuros educadores na criação de suas aulas. Essa preparação deve incluir metodologias variadas, a fim de facilitar a aprendizagem e a compreensão dos alunos em relação ao conteúdo abordado, especialmente em tópicos que envolvem conhecimentos de biologia e matemática, como na genética quantitativa.

Essa metodologia permitiu uma investigação entre a genética e o teorema binomial, ou a expansão de Newton, contribuindo para o avanço pessoal e intelectual dos alunos de licenciatura. Após analisar as variações fenotípicas relacionadas às cores da íris humana, incluindo marrom, castanho, avelã, âmbar, verde, cinza e azul, notou-se um avanço significativo no entendimento dos estudantes durante o percurso.

Verificou-se que os alunos da licenciatura demonstraram um elevado compromisso e curiosidade ao se engajar nas atividades, discutindo com empolgação os resultados das análises realizadas. Adotando uma postura crítica, levantaram questionamentos sobre o tema abordado e as proporções estimadas, alinhando-se ao propósito de estimular a busca por saberes interdisciplinares. Isso evidencia a efetividade do modelo educacional empregado para fomentar sua participação.

O conhecimento foi enriquecido através do uso de dados coletados pelos alunos, que exploraram formas de interpretar essas informações para calcular de forma numérica as frequências fenotípicas e genotípicas. Foi identificado que os sete fenótipos da íris estão ligados à presença de três pares distintos de alelos, o que gera 27 combinações únicas de genótipos.

Dessa forma, pretende-se que métodos como esse sejam regularmente implementados, tornando o aprendizado de genética quantitativa mais envolvente e dinâmico. A meta é estimular ainda mais a curiosidade dos estudantes e ampliar sua participação nas atividades em sala de aula.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AMABIS, J. M. & MARTHO, G. R. Biologia das populações. (3<sup>a</sup> ed., Vol.3) São Paulo: Moderna. (2010).
- BAIOTTO, C. R.; SEPEL, L. M. N.; LORETO, E.L. S. Para ensinar genética mendeliana: ervilhas ou lóbulos de orelha? Genética na Escola, v. 11, n.2, p. 283-296, (2016).
- BEIGUELMAN, B. A Interpretação Genética da Variabilidade Humana. Ribeirão Preto, SP: Editora SBG (Sociedade Brasileira de Genética), 152 p. (2008).
- BRASIL, Secretaria da Educação Média e Tecnológica. Diretrizes curriculares para o Ensino Médio. Brasília: MEC/SEM, (2013).
- 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 (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.
- 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).
- GARDNER, E. J.; SNUSTAD, D. P. Genética. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, (1986).
- NEWS-MEDICAL.NET. Genética da cor do olho. Agosto, (2017).
- GOIATO, M. C.; MORENO, A.; DOS SANTOS, D. M.; CARVALHO, D. E.; DEKON, S. F.; PELLIZZER, E. P.; PESQUEIRA, A. A. Efeito da polimerização e do envelhecimento acelerado na estabilidade da cor da íris de próteses oculares. Cont Lens Anterior Eye. 33(5):215–218. (2010).
- GRANT, M. D.; LAUDERDALE, D. S. Cohort effects in a genetically determined trait: eye colour among US whites». Ann. Hum. Biol. (em inglês). 29 (6): 657–66. (2002).
- GRIFFITHS, A. J. F., WESSLER, S. R., LEWONTIN, R. C., GELBART, W. M., SUZUKI, D. T., & MILLER, J. H. Introduction to genetic analysis. (8th ed.). New York, NY: W.H Feeman. (2005).
- GRIFFITHS, A. J. F., WESSLER, S. R., LEWONTIN, R. C., & CARROLL, S. B. Introdução à genética. Rio de Janeiro, RJ: Guanabara Koogan. (2013).

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.

HONG-PENG, S.; YI, L.; CHEN-WEI, P. **Cor da íris e complicações oculares patológicas associadas: uma revisão de estudos epidemiológicos.** Int J Oftalmol, outubro de 2014;7(5):872–878.

HU, D. N.; MCCORMICK, S. A.; ORLOW, S. J.; ROSEMBLAT, S.; LIN, A. Y.; WO, K. Melanogênese por melanócitos uveais humanos in vitro. Invest Ophthalmol Vis Sci. 1995;36(5):931–938.

HUIQIONG, W.; STEPHEN, L.; XIAOPEI, L.; SING, B. K. "Separating Reflections in Human Iris Images for Illumination Estimation." Proc. IEEE International Conference on Computer Vision, (2005).

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).

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).

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).

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, pág. 215 – 235. (2021)

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, pág. 49 - 71. (2021)

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, - pág. 182 – 207. (2022).

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, pág. 83 – 109. (2022).

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-buracaíra). Revista Biodiversidade - v.21, n.3, pág. 2 – 25. (2022).

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, pág. 2 – 23. (2022).

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, pág. 33 – 52. (2023).

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, pág. 80 – 94. (2023).

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, pág. 65 – 86. (2023).

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, pág. 63 – 86. (2024).

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T. Imagens de autoradiografias 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, - pág. 138 – 157. (2024).

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, pág. 119 – 145. (2024).

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, pág. 168 – 194. (2024).

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, pág. 197 – 219. (2025).

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, pág. 186 – 214. (2025).

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T. Modelo didático que simula imagens de autorradiografias dos géis de agarose para caracterização genética dos alelos responsáveis pelo padrão de plumagem nas asas em pombos (*Columba livia*). Revista Biodiversidade - v.24, n.3, pág. 122 – 152. (2025).

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

MORRIS, P. J. "Phenotypes and Genotypes for human eye colors." Athro Limited website. Retrieved May (2006).

MUINOS DIAZ Y, SAORNIL MA, ALMARAZ A, MUÑOZ-MORENO MF, GARCIA C, SANZ R. Cor da íris: validação de uma nova classificação e distribuição em uma amostra populacional espanhola. Eur J Ophthalmol. 19(4):686–689. (2009).

NANNI, R. Natureza do conhecimento científico e a experimentação no ensino de ciências. Revista Eletrônica de Ciência. São Carlos/SP, 2007.

PIERCE, B. A. Genética: um enfoque conceitual / Benjamin A. Pierce; tradução Beatriz Araujo do Rosário. - 5. ed. - Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, (2016).

PROTA, G., HU, D. N., VINCENSI, M. R.; MCCORMICK, S. A.; NAPOLITANO, A. "Characterization of melanins in human irides and cultured uveal melanocytes from eyes of different colors." *Exp Eye Res.* Sep;67(3):293-9. (1998).

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; PINTO, C.A.B.P. Genética na agropecuária. Editora Globo: São Paulo. 3.ed. p.199-229. (1994).

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

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).

STURM, R. A.; FRUDAKIS, T. N. Eye colour: portals into pigmentation genes and ancestry (PDF). Trends Genet. 20 (8): 327–32. (2004).

THOMPSON, M. W., MCINNES, R. R., & WILLAD, H. Thompson e Thompson: genética médica. Rio de Janeiro, RJ: Guanabara Koogan. (1993).

VESTENA, R. F. & LORETO, E. L. S. Representações familiares nos anos iniciais do ensino fundamental: desenhos, genealogias e heredogramas. RBECT-Revista brasileira de ensino de ciências e tecnologia. 9(3), p.1-18. (2016).

VENTURIERI, G. A.; ROSA, V. L. **Genética clássica**. Universidade Federal de Santa Catarina – Florianópolis. BIOLOGIA/EAD/UFSC, 2010. 116p.

WIELGUS, A. R.; SARNA, T. "Melanin in human irides of different color and age of donors." *Pigment Cell Res.* 2005 Dec; 18(6):454-64. PMID 16280011