

UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DO RIO DE JANEIRO  
INSTITUTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS E DA SAÚDE  
CURSO DE GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

**MODELO DIDÁTICO NO PROCESSO ENSINO APRENDIZAGEM: MAPEAMENTO  
GENÉTICO**

Elaborado por

JENNIFER VIEIRA GOMES

Orientadora

VIVIANE MOREIRA DE LIMA

Co-orientadora

MARIA AMÉLIA MENCK SOARES

JENNIFER VIEIRA GOMES

VIVIANE MOREIRA DE LIMA

MARIA AMÉLIA MENCK SOARES

**MODELO DIDÁTICO NO PROCESSO ENSINO APRENDIZAGEM: MAPEAMENTO  
GENÉTICO**

Monografia apresentada como requisito parcial para  
obtenção do grau Licenciado em Ciências Biológicas do  
Instituto de Ciências Biológicas e da Saúde da Universidade  
Federal Rural do Rio de Janeiro

DEZEMBRO-2015

MODELO DIDÁTICO NO PROCESSO ENSINO APRENDIZAGEM:  
MAPEAMENTO GENÉTICO

JENNIFER VIEIRA GOMES

MONOGRAFIA APROVADA EM: 10/12/2015

BANCA EXAMINADORA:

PRESIDENTE/ ORIENTADOR: Viviane Moreira de Lima  
(Doutora, Viviane Moreira de Lima, UFRRJ)

MEMBRO TITULAR: Maria Amélia Menck Soares  
(Doutora, Maria Amélia Menck Soares, UFRRJ)

MEMBRO TITULAR: Lana Claudia de Souza Fonseca  
(Doutora, Lana Claudia de Souza Fonseca, UFRRJ)

MEMBRO SUPLENTE: Helcio Resende Borba  
(Professor Titular, Helcio Resende Borba, UFRRJ)

## AGRADECIMENTOS

Me faltam palavras para expressar o quanto sou grata a minha mãe. Obrigada por sempre me incentivar a estudar, por ter me encorajado a chegar até aqui, pela educação que se esforçou para me dar sozinha. És uma mulher muito virtuosa e me orgulho de todo empenho para que me tornasse uma boa pessoa.

As minhas irmãs Mariana e Mayara que me livraram por muitas vezes de “apuros” ao longo da vida acadêmica. Obrigada meninas!

Também agradeço ao meu pai por ter contribuído para que eu tivesse uma boa formação, pelos conselhos, enfim, por tudo.

Agradeço aos meus avós Maura e Luiz Manoel, por toda ajuda, carinho e pelas palavras que me confortaram nos dias de provas, vocês são incríveis.

Quero agradecer a minha prima Luana por toda ajuda desde que aprendi a segurar o lápis e pela ajuda com as traduções desde que entrei na faculdade.

A toda minha família que de uma forma geral contribuiu em algum momento da minha vida acadêmica.

Professora Maria Amélia estou muito agradecida por ter aceitado me orientar, posso testemunhar que tive uma orientação de excelência com a senhora e a professora Viviane. Muito obrigada pela atenção e empenho, mesmo estando sempre tão ocupada, separava um tempo para me atender, opinar sobre o material, além da ideia da confecção de um modelo vegetal para o ensino de mapeamento genético que partiu da senhora. Esse período serviu para que eu a admirasse ainda mais e visse bem de perto tamanho profissionalismo e organização.

Professora Viviane te agradeço pela orientação na monografia, pela orientação no estágio ao longo desses anos, pela oportunidade de trabalhar com essa profissional incrível que você é, pelo aprendizado, conselhos, pela paciência, por toda ajuda, inclusive com as disciplinas. Você é uma orientadora sensacional! Confesso que por vezes até duvido da sua existência, penso que você deva ser uma invenção da mídia. Vou sentir muita saudade!

Professor Helcio obrigada pela força de sempre, por sua presença enriquecedora e sua alegria contagiante, é impossível ficar triste perto do senhor. Obrigada pelas “monitorias” de Biofísica, Bioquímica, Fisiologia, entre muitas outras. O senhor é um excelente orientador e de uma personalidade ímpar. Sentirei saudades de ouvir os assobios no decorrer do dia desse professor Titular altamente qualificado! Agradeço por ter aberto as portas de sua casa para nós do laboratório 22. Também agradeço a Mônica

(sua esposa) e Nathalia (sua filha) por nos receberem sempre com tanto carinho, e é óbvio, pelas festinhas!

Lana, e suas aulas sempre incríveis, e o Grupo de Pesquisa que é simplesmente fantástico. Em pensar que o assunto da minha monografia saiu de lá, em seus pensamentos célebres, obrigada por isso!

Aos meus amigos do LAGeP e LAAP, popularmente conhecido como “Lab 22”, vocês são a extensão da minha casa, adoro nossa cumplicidade. Obrigada por toda parceria na pesquisa e pela amizade, vocês tornam as coisas mais leves.

Aline, Gabriela Lopes, Jéssica Tamara, Mayara, Leonardo, Viviane, muito obrigada por toda ajuda com o “recorte e cola” de tomate, afinal cortar mais de quatro mil tomates (imagens) não é uma tarefa tão fácil.

Leonardo, Hataânderson, Gabriella Pires, Michelle Harumi, Douglas Anderson e Gabriel, os estudos de química se tornaram mais simples com vocês, obrigada!

Elayne, Geysa, Jéssica, Nicole e Rafaela, obrigada pelo incentivo, pelas palavras de apoio, pelos nossos estudos, sou grata pela ajuda de cada período. Meninas, hoje vocês são muito mais que amigas, são minhas irmãs!

Igor Azevedo, obrigada pelas sugestões nos desenhos do modelo, na forma de pintar, no tipo de papel, suas orientações foram muito úteis para o resultado final.

Moizés (Maranhão) e Iuri, vocês são mentes brilhantes! Muito obrigada pelas tardes de estudos!

Grace Costa, amiga muito obrigada por tudo, inclusive pelas traduções dos artigos, você é única!

Viviane Corrêa, amigas desde a infância e até aqui você me ajudou, você é a prova de que nem a distância é capaz de terminar com uma amizade! Muito obrigada!

Dalila, Dona Ivone, Nathalia, Daiana, Renann, Jefferson Rafael e Suzane, muito obrigada por toda ajuda e pelos momentos inesquecíveis, vocês também tem parte nisso!

Agradeço aos professores dessa casa que fazem a diferença na educação, em especial Helena Guglielmi, Nayde, Wagner Tassinari, Luciano Suzart, Renato Nunes, Aparecida Alves e Jayme Magalhães, Nedda por empréstimos de livros em momentos de greve na biblioteca, por estarem disponíveis para dúvidas, enfim por tudo!

Ao Técnico do Departamento de Genética, Francisco, pelos avisos sobre os concursos e é claro, por me ajudar a separar *Drosophila* nas práticas de genética. O melhor Técnico!

Sou grata a todos que me ajudaram em algum momento da vida acadêmica, ainda que o nome não tenha sido citado.

A UFRRJ, apesar das muitas limitações que a Instituição apresenta, eu a escolheria novamente. Sentirei saudade do canto dos pássaros, de toda essa beleza natural, de esbarrar com uma cobra entre uma aula e outra. Então, como dizia Gonçalves Dias “Não permita Deus que eu morra, Sem que eu volte para lá”!

Deus, nesse momento as palavras me escapam! Obrigada por essas pessoas maravilhosas que cruzaram o meu caminho. Por ter sido o meu refúgio nos momentos mais difíceis e não ter me desamparado em nenhum deles! Obrigada por ser o dono dos meus dias, minha alegria e por ser sempre fiel a mim!

Dedico este trabalho à Deus.  
Minha mãe Andréa e meus avós maternos Luiz e Maura.  
Meu pai Jeoval Filho e meus avós paternos Jeoval e Maria.  
As minhas orientadoras Viviane e Maria Amélia.  
Ao professor Helcio.

“Aquele que leva a preciosa semente,  
andando e chorando, voltará, sem  
dúvida, com alegria, trazendo consigo  
os seus molhos.”

Salmos 126:6 (Bíblia Sagrada)

**Resumo:**

Dentro da Biologia, a Genética é uma ciência relativamente jovem e vem crescendo consideravelmente nos últimos anos. Hoje em dia, ela ocupa grande espaço na mídia estando relacionada a várias questões sociais, tais como a produção de transgênicos, clonagem, testes de paternidade, identificação de pessoas e perícias, dentre outras. Talvez por conta disso, essa nova área de conhecimento vem despertando interesse nos discentes de diferentes níveis de escolaridade. Entretanto, os estudantes apresentam dificuldades na aprendizagem de temas ligados à Genética. Esta dificuldade se deve não só a complexidade dos fenômenos, mas ao fato de que o aprendizado de seus conceitos exige um alto grau de abstração. Atualmente, as aulas práticas são utilizadas como uma “ponte” ligando o conteúdo das aulas teóricas à compreensão e por vezes provocando um entendimento mais amplo sobre o assunto abordado. Atividades práticas, simulações e jogos, quando mediados de forma correta, são elementos importantes no processo de aprendizagem, e possibilitam ao aluno uma formação crítica e diferenciada do conhecimento. Desta forma, com o presente trabalho objetivamos criar um modelo para o ensino de mapeamento genético, contribuindo desse modo para as aulas de Genética Geral da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ) e que posteriormente possa alcançar também as salas da Educação Básica, mas especificamente o Ensino Médio. O modelo utilizado no trabalho foi um modelo vegetal baseado na espécie *Solanum lycopersicum* (tomate). Para a elaboração do mesmo, foram escolhidos três genes localizados no cromossomo 5 relativamente próximos. A escolha das características foi baseada na proximidade entre os genes e na facilidade de representação dos fenótipos, os quais foram desenhados em papel diplomata, digitalizados e impressos para a confecção do modelo. Junto com o modelo, foram elaborados relatórios e um questionário individual, os quais foram utilizados como forma de avaliação da eficiência do método. O modelo foi aplicado em duas turmas práticas da disciplina IB455 Genética Geral e em seguida, os relatórios e questionários individuais foram corrigidos e analisados, comparando-se o percentual de acerto para cada questão nas duas turmas de prática da disciplina IB455 (turmas P01 e P02). Baseado no relato dos estudantes que fizeram a prática e conforme esperado, o modelo auxiliou na compreensão da teoria sobre mapeamento genético, sugerindo que o mesmo pode representar mais uma ferramenta auxiliar no processo ensino aprendizagem.

**Palavras chave:** *crossing-over*; mapeamento; *Solanum lycopersicum*; ensino de genética

**Abstract:**

In Biology, Genetics is a relatively young science and has grown considerably in recent years. Nowadays, it occupies a large space in the media, being related to various social issues, such as the production of transgenics, cloning, paternity tests, identifications of corpses, among others. Perhaps due to it, this new area of knowledge is attracting interest of students of different educational levels. However, the students have difficulties in learning issues related to Genetics. That difficulty is due not only for the complexity of the phenomena, but also for the fact that learning its concepts requires a high degree of abstraction. Currently, practical classes are used as a "bridge" connecting the content of theoretical classes to comprehension, sometimes causing a broader understanding of the subject matter. Practical activities, simulations and games, when mediated correctly, are important elements in the learning process, and allow the student to have a critical and differentiated formation of knowledge. Thus, this study aimed to create a model for the teaching of and genetic mapping, thereby contributing to the General Genetics classes of the Federal Rural University of Rio de Janeiro (UFRRJ) and also reach the Basic Education, specifically High School. The model used in the study was a vegetable model biased in the species *Solanum lycopersicum* (tomato). For the preparation of the model three genes were chosen, located on chromosome 5, relatively close. The choice of characteristics is based on proximity between genes and ease of representation of phenotypes, which would have to be designed in diplomata paper, scanned and printed for producing the models. Along with the models, reports and an individual questionnaire were drafted, which were used as a means of assessing the efficiency of the method. The models were applied in two practice classes of IB455 General Genetics subject and, after applying the model, reports and individual questionnaires were fixed and analyzed by comparing the percentage of correct answers for each question in the two classes (classes P01 and P02). Based on reports made by students who took the practice and as expected, the model helped in understanding the theory of genetic mapping, suggesting that it may represent an auxiliary tool in the learning process.

**Keywords:** *crossing-over*; mapping; *Solanum lycopersicum*; genetics education

## SUMÁRIO

I	INTRODUÇÃO: .....	09
I.1	História do <i>Crossing over</i> : .....	10
I.2	<i>Crossing over</i> e divisão celular: .....	12
I.3	Mapeamento cromossômico e sua importância: .....	14
I.3.1	Mapeamento físico: .....	14
I.3.2	Mapeamento genético: .....	15
I.4	Ensino de Genética: .....	18
I.5	Modelos didáticos: .....	19
I.6	Objetivos: .....	19
II	MATERIAL E MÉTODOS: .....	20
II.1	Do Modelo .....	20
II.2	Dos Relatórios e Questionário .....	23
II.3	Da aplicação .....	23
III	RESULTADOS E DISCUSSÃO: .....	24
III.1	Análise dos relatórios: .....	24
III.2	Análise dos questionários: .....	27
III.3	Considerações finais: .....	29
IV	ANEXOS: .....	31
V	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	40

## LISTA DE FIGURAS:

<b>FIGURA 1:</b> PRESENÇA DE VÁRIOS QUIASMAS DURANTE A MEIOSE. FONTE: GRIFFITHS ET AL 2008.....	11
<b>FIGURA 2:</b> OS 23 PARES DE CROMOSSOMOS HOMÓLOGOS ENCONTRADOS EM CÉLULAS HUMANAS. FONTE: GRIFFITHS ET AL 2008.....	12
<b>FIGURA 3:</b> COMPARAÇÃO ENTRE MITOSE E MEIOSE. FONTE: ALBERTS ET AL 2010.....	13
<b>FIGURA 4:</b> REPRESENTAÇÃO ESQUEMÁTICA DO PAREAMENTO DE CROMOSSOMOS HOMÓLOGOS DURANTE A MEIOSE. FONTE: GRIFFITHS ET AL 2008.....	13
<b>FIGURA 5:</b> REPRESENTAÇÃO DOS PRODUTOS CROMOSSÔMICOS GERADOS APÓS UM EVENTO DE <i>CROSSING OVER</i> . FONTE: SNUSTAD, 2008.....	14
<b>FIGURA 6:</b> REPRESENTAÇÃO DAS CLASSES FENOTÍPICAS NO CRUZAMENTO TESTE DE UM MAPEAMENTO DE 3 PONTOS. FONTE: PIERCE, 2004.....	16
<b>FIGURA 7:</b> REPRESENTAÇÃO ESQUEMÁTICA DOS 12 CROMOSSOMOS DE <i>SOLANUM LYCOPERSICUM</i> . FONTE: GRIFFITHS ET AL 2008.....	21
<b>FIGURA 8:</b> IMAGENS DO MODELO, REPRESENTANDO OS 8 FENÓTIPOS.....	22
<b>FIGURA 9:</b> APLICAÇÃO DO MODELO: CONTAGEM DOS INDIVÍDUOS E SEPARAÇÃO DOS FENÓTIPOS.....	24

## LISTA DE GRÁFICOS E ESQUEMA:

**ESQUEMA 1:**ESQUEMA MOSTRANDO OS CROMOSSOMOS DOS DIFERENTES INDIVÍDUOS TRIPLO HETEROZIGOTOS.ONDE A FORMA LOBADA É REPRESENTADA PELA LETRA F (DO INGLÊS *FASCIATED*);O PEDICÉLO VERDE PELA LETRA A (*GREEN*) E PRESENÇA DE FOLHA PELAS LETRAS LF (*LEAFY*).....23

**GRÁFICO 1:** DEMONSTRATIVO DO PERCENTUAL DE ACERTOS NO RELATÓRIO APLICADO NAS TURMAS PRÁTICAS P01 E P02 EM RELAÇÃO AOS PROCEDIMENTOS 1, 2 E 3 (Q1, Q2 E Q3).....26

**GRÁFICO 2:** DEMONSTRATIVO DO PERCENTUAL DE RESPOSTAS AO QUESTIONÁRIO APLICADO INDIVIDUALMENTE NAS TURMAS P01 E P02 EM RELAÇÃO ÀS QUESTÕES 1 E 2 ( Q1 E Q2).....28

## I-INTRODUÇÃO

Todo aluno do curso de Ciências Biológicas Modalidade Licenciatura da UFRRJ, apresenta na sua matriz curricular a disciplina IE 602 (Ensino de Biologia I). Durante as aulas desta disciplina a professora convida os alunos a participarem de um grupo de discussões denominado GEPEnBIO (Grupo de Estudos e Pesquisas em Ensino de Biologia) coordenado pela professora Lana Fonseca do Instituto de Educação da UFRRJ, onde acontecem discussões sobre temas atuais relacionados à disciplina de biologia. Durante o período em que cursei esta disciplina, tive a oportunidade de acompanhar algumas reuniões do grupo onde surgiram discussões sobre variabilidade genética, que me chamaram a atenção, pois me interessava por alguns assuntos abordados na disciplina IB 455 (Genética Geral). Foi quando me atentei para a importância do Mapeamento Genético e de como a variabilidade está presente no nosso dia-a-dia.

Nós humanos somos todos da espécie *Homo sapiens*, e apesar das semelhanças, apresentamos muitas diferenças entre nós. Por que apesar das semelhanças com seus pais, você também possui características diferentes deles? Ou características intermediárias? Por que apesar de sermos todos *Homo sapiens* exibimos tanta variedade de caracteres?

A hereditariedade é um dos aspectos mais relevantes do mundo natural, além de ser facilmente observável: o dono de um cão, por exemplo, logo vê o que acontece com o cruzamento de um cachorro marrom com outro preto; pais e mães, consciente ou inconscientemente, percebem o aparecimento de suas próprias características nos filhos. Entretanto, as crianças assim como os filhotes dos cães, não são apenas uma simples mistura das características dos seus genitores (Watson, 2005).

Baseada nestas observações e considerando-se a importância e a inserção dos assuntos relacionados a Genética na atualidade, surgiu em conversa com a professora Maria Amélia responsável pela disciplina IB 455, a ideia da elaboração de um modelo didático para o ensino de mapeamento genético inspirado em um sistema vegetal.

Considerando-se que o mapeamento genético é baseado na ocorrência de *crossing over*, vamos dar continuidade fazendo um breve relato sobre a história do *crossing over*, até chegarmos ao mapeamento genético e sua relevância.

## I.1 – História do *Crossing over*

O enredo da variabilidade genética começou a ser desvendado com o monge Gregor Mendel (1822-1884). Mendel, em seus estudos em variedades de ervilhas de cheiro do gênero *Pisum*, propôs a hipótese da segregação independente (Durbano, 2014), que corresponde à primeira Lei de Mendel, e a hipótese de independência dos caracteres, que se refere à segunda Lei de Mendel. A primeira Lei relata que cada indivíduo possui dois fatores para uma determinada característica, os quais se separam durante a formação dos gametas. Deste modo, em organismos diploides ( $2n$ ) quando ocorre a formação dos gametas cada alelo irá para uma célula diferente, ou seja, segregam-se. Nesta hipótese, também é mencionado o conceito de dominância e recessividade dos genes. Já a segunda Lei retrata a hipótese da independência dos caracteres, ou seja, fatores (genes nos dias atuais) que influenciam características diferentes se separam de forma independente durante a formação dos gametas. Apesar dos trabalhos de Mendel terem grande relevância nos dias de hoje, naquela época seu trabalho não foi reconhecido, assim, o atualmente conhecido como Pai da Genética faleceu sem receber os créditos por seus trabalhos (Pierce, 2004).

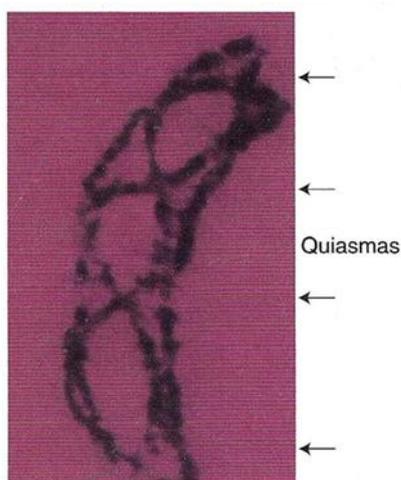
Hugo de Vries, Erich Von Tschermak e Carl Correns, que eram botânicos, foram os responsáveis pela redescoberta dos trabalhos de Mendel. Ao realizarem experimentações com plantas, eles encontraram resultados semelhantes ao de Mendel, entretanto essa redescoberta só se deu no século XX (Pierce, 2004).

A partir de 1900, pesquisadores como Willian Bateson (1861-1926), naturalista inglês, dedicaram-se a testar se os princípios apresentados por Mendel no estudo das ervilhas se aplicavam também a outros organismos, tanto vegetais quanto animais. Sendo assim, em 1902, ao realizarem cruzamentos experimentais com a planta *Matthiola*, Bateson e sua colaboradora Edith R. Saunders (1865-1945) observaram que algumas características eram herdadas juntas, o que contrapunha os estudos de Mendel. Entretanto, apesar de mencionarem esses dados, não mostraram uma explicação para este acontecimento. Mais tarde, Bateson, Saunders e Punnett (1905-1989) observaram os mesmos resultados em outro gênero de ervilhas de cheiro, encontrando uma associação entre a cor das flores e o formato do pólen. Esses achados contrariavam o princípio de segregação independente (Durbano, 2014).

Embora Bateson não considerasse que os fatores herdáveis apresentados por Mendel estivessem localizados nos cromossomos, seu contemporâneo Carl Erick (1864-1933), botânico alemão, que também trabalhava com cruzamentos experimentais com

plantas, incluindo a *Matthiola*, considerou que os fatores herdáveis poderiam ser transportados pelos cromossomos (Durbano, 2014).

Neste período, muitos pesquisadores buscavam respostas para os resultados intrigantes que não pactuavam com os princípios propostos por Mendel. Em 1909, Franz Alphon Janssens (1865-1924) ao estudar a espermatogênese em uma espécie de salamandra, propôs a teoria da quiasmatipia. Em seus estudos citológicos, Janssens observou na meiose a presença de cromossomos duplos que pareciam estar ligados em suas extremidades. O pesquisador chamou os pontos de ligação de “quiasmas” e propôs que nestes pontos os cromossomos se tocavam e trocavam parte de seus filamentos com os seus homólogos, o que atualmente conhecemos como *crossing over* ou permuta (Durbano, 2014) (Figura 1).

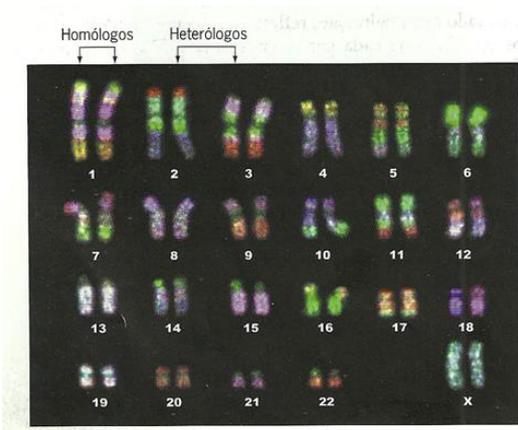


**Figura1:** Presença de vários quiasmas durante a meiose. Fonte: Griffiths et al 2008.

Após 1910-1911, o zoólogo Thomas Hunt Morgan (1866-1945), forte opositor às teorias de Mendel, passou a adotar uma linha neomendeliana ao realizar experimentos com *Drosophila melanogaster*. Em seus estudos, Morgan observou inúmeros casos em que determinadas características eram herdadas de maneira associada. Morgan e seus colaboradores nomearam esse evento de *linkage* (ligação) (Durbano, 2014).

A primeira comprovação citológica do *crossing over* aconteceu, entretanto, em 1931, quando Harriet Creighton (1909-2004) e Barbara McClintock (1902-1992) deram evidências que os genes estavam posicionados nos cromossomos ao realizarem experimentos com uma estirpe de milho que continha cromossomos homólogos distinguíveis, apresentando evidências genéticas da ocorrência de *crossing over* (Pierce, 2004; Durbano, 2014). O termo “cromossomos homólogos” se refere aos dois

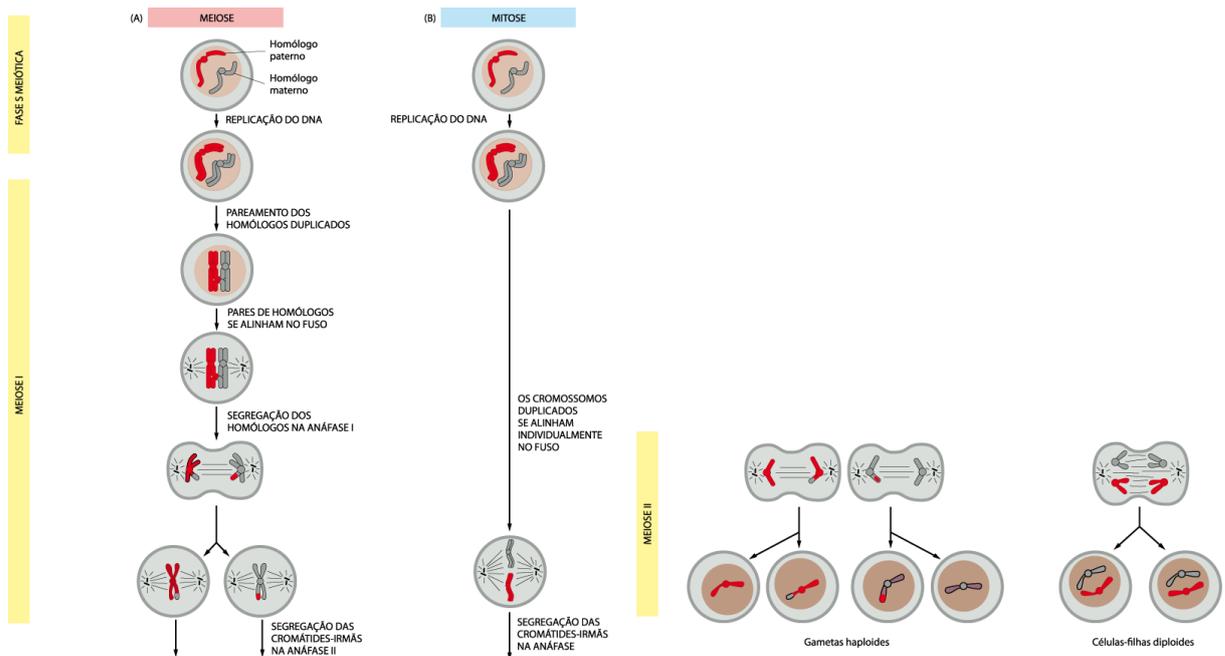
elementos de um par de cromossomos, sendo um de origem materna e outro de origem paterna (Figura 2).



**Figura 2:** Os 23 pares de cromossomos homólogos encontrados em células humanas. Fonte: Griffiths et al 2008.

## I.2 - *Crossing over* e divisão celular

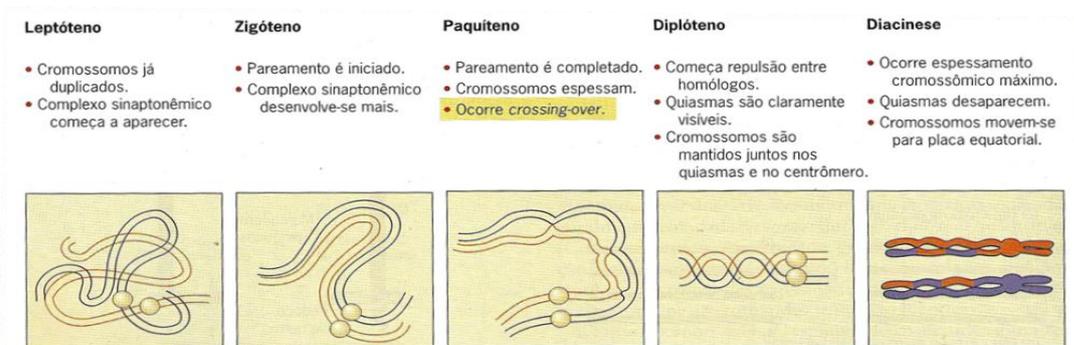
Atualmente, é sabido que cada par de cromossomos homólogos apresenta muitos genes e que cromossomos de um mesmo par trocam partes correspondentes entre si. Este processo de permuta, conhecido como *crossing over*, ocorre durante o processo de divisão celular conhecido como meiose. A meiose (Figura 3) é um tipo especial de divisão celular que ocorre para produção dos gametas, no qual as células sofrem duas divisões sucessivas, com uma única replicação de cromossomos, originando desta forma células com metade dos cromossomos da célula original (células haploides). Este processo é diferente do que ocorre durante a mitose (Figura 3), tipo de divisão celular que ocorre nas células somáticas para o crescimento do organismo e reposição celular, no qual o *crossing over* não ocorre, e onde as células passam por uma única divisão celular, com única replicação de cromossomos, originando células filhas geneticamente idênticas à célula parental (Pierce, 2004; Farah, 2007).



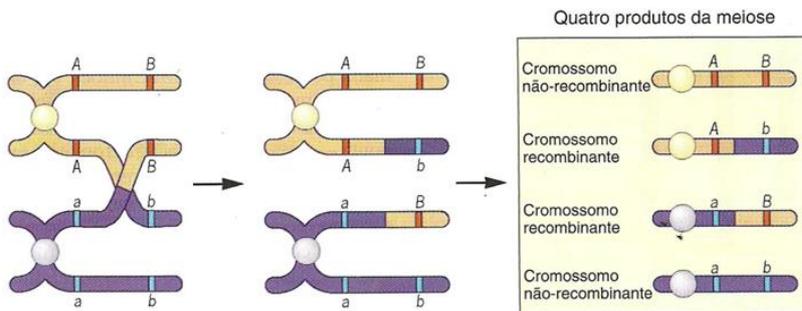
**Figura 3:** Comparação entre mitose e meiose. Fonte: Alberts et al 2010.

Durante a meiose, os pares de cromossomos homólogos alinham-se, colocando os alelos correspondentes lado a lado. Em seguida, em pontos escolhidos ao acaso, os cromossomos sobrepõem-se e ocorre a permuta de segmentos correspondentes (*crossing over* ou recombinação). Desta forma, quando os cromossomos homólogos se separam, cada um apresenta uma nova combinação de alelos (cromossomos recombinantes) (figuras 4 e 5). A ocorrência deste processo, entretanto, depende das distâncias entre os genes nos cromossomos.

Esse mecanismo de permuta, aliado as variações alélicas presentes em cada par de homólogos, são os responsáveis pela variabilidade existente nos gametas formados, de forma que é impossível para um casal, em fertilizações diferentes, gerar dois filhos idênticos (Farah, 2007).



**Figura 4:** Representação esquemática do pareamento de cromossomos homólogos durante a meiose. Fonte: Griffiths et al 2008.



**Figura 5:** Representação dos produtos cromossômicos gerados após um evento de *crossing over*. Fonte: Snustad, 2008.

### I.3 - Mapeamento cromossômico e sua importância

Uma vez que cada gene ocupa uma posição determinada dentro de um cromossomo, é possível se construir um mapa do genoma de um organismo, localizando-se cada um de seus genes em seu respectivo endereço ou loco. Existem dois tipos de mapas que podem ser construídos, o mapa genético, baseado na frequência de recombinação (*crossing over*), e o mapa físico, baseado nas distâncias físicas ao longo do cromossomo, em geral expresso em pares de base (Pierce, 2004).

Através de um mapeamento cromossômico, pode-se determinar a localização das regiões do genoma responsáveis pela expressão das características e a quantificação da sua importância para a expressão do fenótipo (Rocha et al, 2003). Este tipo de análise permite a localização das regiões cromossômicas responsáveis por características quantitativas de interesse econômico, sendo de suma importância para os estudos de melhoramento genético animal e vegetal. Além disso, o mapeamento permite estudos em várias áreas, como estudos de sintenia (relativo à localização de dois ou mais genes em um mesmo cromossomo) em espécies relacionadas, a clonagem de blocos de genes de interesse e o diagnóstico precoce de uma condição de saúde, além de fornecer evidências se uma doença hereditária está ligada a um ou mais genes (Rocha et al, 2003).

#### I.3.1 – Mapeamento físico

O mapeamento físico é confeccionado através de várias estratégias que fornecem informações sobre a localização dos genes nos cromossomos, e pode se apresentar em diferentes níveis de detalhamento dependendo da estratégia utilizada. No nível mais detalhado de mapeamento físico, a distância entre os genes é medida pelo número de pares de bases entre eles. Dentre as estratégias utilizadas para o mapeamento físico,

podemos citar a dosagem gênica, a produção de células somáticas híbridas, a hibridização *in situ*, e o sequenciamento, dentre outras (Farah, 2007).

### I.3.2 – Mapeamento genético

Alfred Henry Sturtevant (1891-1970), colaborador de Morgan em seus experimentos com *Drosophila*, construiu os primeiros mapas cromossômicos a partir do princípio que os fatores herdáveis estavam localizados linearmente nos cromossomos e que a distância entre os fatores (genes) era proporcional à frequência de *crossing over*, dando origem aos primeiros mapeamentos genéticos (Durbano, 2014).

Em um mapeamento genético, a distância entre os genes é estimada a partir da ocorrência de recombinações encontradas entre genes localizados no mesmo cromossomo (Snustad et al; 2008), ou seja, é dependente da ocorrência de *crossing over*. A frequência de *crossing over*, entretanto, é subordinada a distância entre os genes, de forma que, quanto mais distantes, maior a incidência de recombinação entre eles. Por outro lado, quanto menor for a distância entre os genes, menor será a possibilidade de ocorrência de *crossing over* entre eles e, desta forma, maior a tendência dos genes serem transmitidos juntos. Neste caso, dizemos que os genes estão ligados (Farah, 2007). Segundo os mesmos autores, dois genes são considerados ligados quando a probabilidade de ocorrência de *crossing over* entre eles for menor do que 50%.

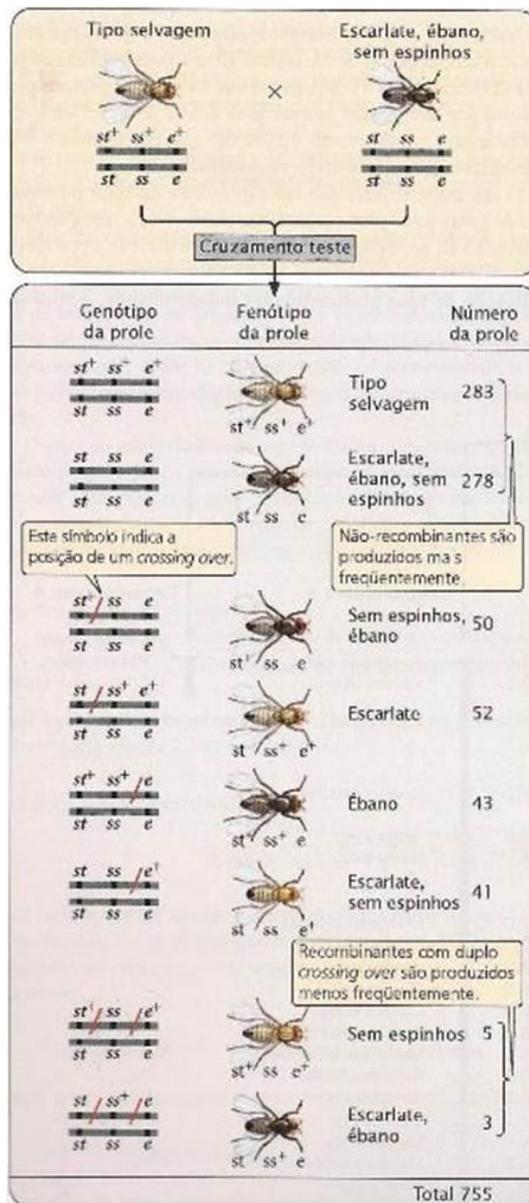
Como Thomas Hunt Morgan (1866-1945) foi o geneticista que propôs a teoria de ligação dos genes nos cromossomos, em sua homenagem, a unidade de medida utilizada em mapas genéticos foi denominada de **centiMorgan (cM)** ou **unidades de mapa (u.m)**. Uma unidade de mapa é correspondente a 1% de probabilidade de que haja recombinação, ou seja, 1% de possibilidade de que os genes ligados se segreguem durante a meiose (Farah, 2007).

Os mapas genéticos podem ser construídos fazendo-se uma série de cruzamentos teste entre pares de genes e examinando-se as frequências de recombinação entre eles (cruzamentos de dois pontos), entretanto, este tipo de enfoque não é tão eficiente, pois são necessários vários cruzamentos de dois pontos para que a ordem dos genes num cromossomo possa ser estabelecida. Um método mais eficiente de mapeamento é feito através do cruzamento teste com três genes, também chamado de mapeamento de três pontos.

O mapeamento de três pontos consiste em cruzar um indivíduo triplo heterozigoto com um triplo recessivo. A prole de um cruzamento deste tipo é composta de oito classes fenotípicas (figura 6). As duas classes fenotípicas mais abundantes

apresentam o mesmo fenótipo dos parentais, ou seja, são resultantes de gametas cujos cromossomos não sofreram recombinação. As demais classes, presentes em menor

quantidade, são compostas por fenótipos recombinantes. Dentre os recombinantes, as duas classes que apresentam o menor número de indivíduos, são as classes resultantes de *crossings* duplos. A presença de *crossings* duplos (os quais não são notados num cruzamento de dois pontos) permite determinar a ordem correta dos genes no cromossomo. Segundo Pierce (2004), pode-se montar a ordem dos genes comparando-se o fenótipo do grupo onde ocorreu o *crossing* duplo com o fenótipo parental e observando-se qual dos alelos muda de conformação com relação aos outros.



**Figura 6:** Representação das classes fenotípicas no cruzamento teste de um mapeamento de 3 pontos.

Fonte: Pierce, 2004.

Após a determinação da ordem dos genes, pode-se obter o comprimento ou distância das regiões entre dois genes específicos, somando-se as classes onde se constatou a ocorrência de *crossing* entre eles e dividindo-se pelo número total da prole. Isso gera uma porcentagem de ocorrência de *crossing*, e desta forma, obtêm-se a distância em unidades de mapa.

Vamos utilizar os valores encontrados na figura 6 para exemplificarmos isto. As classes apresentam os seguintes valores:

- Não recombinantes: selvagem (283); escarlate, ébano, sem espinhos (278);
- Classes com *crossing* único entre st-ss: sem espinhos, ébano (50); escarlate (52);
- Classes com *crossing* único entre ss-e: ébano (43); escarlate, sem espinhos (41);
- Classes com *crossing* duplo: sem espinhos (5) e escarlate e ébano (3).

Porcentagem de recombinação st-ss=

$$\frac{(50+52+5+3)}{755} \times 100\% = 14,6\% = 14,6 \text{ unidades de mapa (ou centiMorgans)}$$

Porcentagem de recombinação ss-e=

$$\frac{(43+41+5+3)}{755} \times 100\% = 12,2\% = 12,2 \text{ unidades de mapa (ou centiMorgans)}$$

Fonte: Pierce, 2004.

O cálculo representado acima leva em consideração que cada evento de *crossing over* é independente, ou seja, que a ocorrência de um *crossing* não influencia na ocorrência de outro. Entretanto frequentemente, os *crossing overs* não são eventos independentes, de forma que a ocorrência de um evento tende a inibir a ocorrência de *crossing* na mesma região. Desta forma, os *crossing overs* duplos são menos frequentes que o esperado, sendo este fenômeno denominado de interferência.

O grau de interferência pode ser calculado. Para isto, em primeiro lugar deve-se determinar o coeficiente de coincidência (cc), que representa a proporção de *crossing overs* duplos observados em relação aos *crossing overs* duplos esperados. Vejamos um exemplo a seguir utilizando os dados acima:

$$\frac{5+3}{0,146 \times 0,122 \times 755} = \frac{8}{13,4} = 0,6$$

Após a obtenção do coeficiente de coincidência, o grau de interferência é obtido através da seguinte fórmula:

$$\text{Interferência} = 1 - cc$$

O valor de interferência varia de 0-1, de forma que o valor é igual a zero quando não há interferência, logo todos os possíveis eventos de *crossing* serão observados. Enquanto que o valor igual a um significa que a interferência é total e não há *crossing over*.

Seguindo o exemplo acima o grau de interferência seria igual a:

$$\text{Interferência} = 1 - 0,6 = 0,4.$$

Fonte: Pierce, 2004.

O valor de 0,4 obtido nos indica que 40% da prole esperada de *crossing over* duplo não serão observadas devido a interferência entre os eventos de *crossing*.

#### **I.4 - Ensino de Genética**

De acordo com Justina e Ferla (2006), apesar da Biologia ser parte da cultura, e todo cidadão ter direito de conhecê-la, em pleno século XXI nota-se que há um grande afastamento entre o que deveria ser o ensino de Biologia e o que realmente é, e ainda que nos últimos tempos venham se destacando possibilidades para a prática na educação básica, elas vêm sendo pouco expressas no ensino. É necessário a implementação de mediadores que possibilitem uma concretização do conhecimento científico de biologia, no que diz respeito ao ensino formal, sendo esta uma responsabilidade não apenas dos governantes e pesquisadores em educação, mas de todos os educadores.

Dentro da Biologia, a Genética é uma ciência relativamente jovem e vem crescendo consideravelmente nos últimos anos. Hoje em dia, ela ocupa um grande espaço na mídia estando relacionada a várias questões sociais, tais como a produção de transgênicos, clonagem, utilização de células-tronco, testes de paternidade, identificação de pessoas e perícias, dentre outras.

Segundo Leite (2004), essa nova área de conhecimento vem despertando interesse nos discentes, apesar disso, os estudantes apresentam dificuldades com temas

ligados à Genética. Isso, entretanto, não acontece só no Brasil. Trabalhos realizados na Inglaterra e País de Gales também revelaram a pouca compreensão sobre os assuntos relacionados ao conhecimento de genética durante as aulas. Esta dificuldade se deve não só a complexidade dos fenômenos, mas ao fato de que o aprendizado de seus conceitos exige um alto grau de abstração.

### **I.5 – Modelos didáticos**

É inegável a importância e eficiência de uma aula prática bem elaborada no processo ensino aprendizagem. Atualmente, as aulas práticas são utilizadas como uma “ponte” ligando o conteúdo das aulas teóricas à compreensão e por vezes provocando um entendimento mais amplo sobre o assunto abordado. Além de propiciar subsídios para o desenvolvimento no processo de formação do pensamento científico, a atividade prática abandona o modelo tradicional de ensino em que o discente é apenas um expectador, e não a peça central na construção do seu saber (Lima & Garcia 2011).

Modelos didáticos podem apresentar-se satisfatórios para a prática docente em conteúdos que exigem um esforço maior para serem assimilados. Atividades práticas, simulações e os jogos quando mediados de forma correta são elementos importantes no processo de aprendizagem, e possibilitam ao aluno uma formação crítica e diferenciada do conhecimento. Além disso, permitem ao mestre, ampliar seu conhecimento sobre as técnicas ativas de ensino, para que o mesmo adquiria subsídios e possa criar as suas próprias alternativas para que o aluno aprenda de forma lúdica (Leal, 2010).

Tendo em vista as questões mencionadas acima, a proposta do presente trabalho foi a confecção de um modelo vegetal para o ensino de mapeamento de três pontos, uma vez que as turmas práticas da IB 455- Genética Geral da UFRRJ já possuem um modelo inspirado em sistema animal que é o de *Drosophila melanogaster*. Desta forma, além de contribuir com mais um modelo, estaremos diversificando os exemplos que podem ser utilizados visando a aprendizagem relacionada ao mapeamento genético.

### **I.6 – Objetivos**

Objetivamos com o presente trabalho contribuir para o aprendizado de assuntos relacionados a genética através da criação de um modelo didático para o ensino do Mapeamento Genético, colaborando desse modo para as aulas de Genética Geral da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ) e que posteriormente possa alcançar também as salas da Educação Básica, mas especificamente o Ensino Médio.

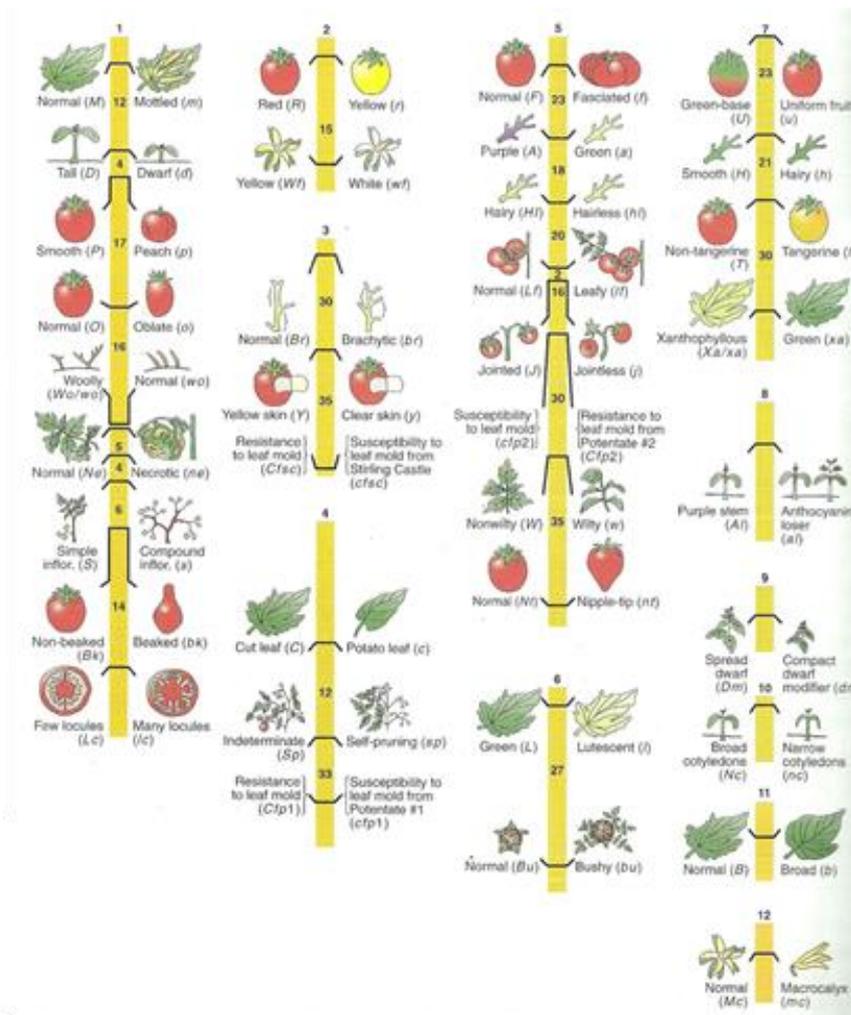
Além de servir como um instrumento para a mediação do processo Ensino Aprendizagem, uma vez que o estudante tem um aprendizado maior quando pratica o que foi mencionado na aula teórica, a utilização deste tipo de metodologia alternativa também contribui no alcance dos alunos com objeção de consciência, considerando os alunos da universidade, uma vez que substitui parcialmente a utilização de animais em aulas práticas.

Considerando-se que na maioria das vezes os exemplos animais são os mais utilizados em salas de aula, nos estudos de mapeamentos genéticos, optou-se por se utilizar neste trabalho um modelo baseado em um sistema vegetal, ampliando desta forma, tanto a abrangência do assunto quanto das metodologias utilizadas para o seu ensino.

## **II. MATERIAL E MÉTODOS**

### **II.1 Do Modelo**

O modelo vegetal utilizado no trabalho foi baseado na espécie *Solanum lycopersicum* (tomate). Foram escolhidos 3 genes, relativamente próximos, localizados no cromossomo 5. A escolha das características foi baseada na proximidade entre os genes e na facilidade de representação dos fenótipos, que teriam que ser desenhados para a confecção dos modelos. Os genes escolhidos foram F/ f (formato normal/ lobado do fruto), A/ a (pedicelo púrpura/ pedicelo verde), Lf/ lf (presença de folha junto aos frutos/ ausência de folha junto aos frutos) (figura 7). Os alelos representados com a letra maiúscula são os alelos dominantes, sendo também representados pelo sinal de +.



**Figura 7:** Representação esquemática dos 12 cromossomos de *Solanum lycopersicum*. Fonte: Griffiths et al 2008.

Após a escolha dos genes, a etapa seguinte foi a confecção dos exemplares referentes às oito classes fenotípicas, resultantes de um cruzamento-teste entre um indivíduo triplo heterozigoto e um triplo recessivo.

O material utilizado na confecção do modelo foi: setenta folhas de papel A4 (aproximadamente), papel do tipo diplomata 120 g/m<sup>2</sup> branco natural, oito metros de plástico transparente e colante (aproximadamente), lápis de colorir nas cores vermelho (duas tonalidades), verde (três tonalidades), roxo (2 tonalidades), preto/ branco e impressora.

Cada um dos itens relacionados acima custou: papel A4 R\$ 3,20 (com 100 folhas), papel do tipo carta diplomata 120 g/m<sup>2</sup> branco natural R\$ 6,00 (com 30 folhas), plástico transparente e colante R\$ 2,00 cada metro, lápis de colorir R\$ 13,90 (Faber Castell). Desse modo, cada modelo custou em torno de R\$ 7,77.

Os oito fenótipos de tomates (figura 8) foram desenhados em papel diplomata, porque é um papel mais firme, liso e menos poroso que o papel A4. Os desenhos originais foram feitos em um tamanho maior que o modelo final (3 cm) e todos foram digitalizados em uma impressora HP Deskjet F4480, e em seguida colados em um programa do pacote Office (Power Point 2010) onde os exemplares sofreram as modificações necessárias, como por exemplo a redução do tamanho. Também foi utilizado o programa Paint, para evidenciar as bordas dos exemplares. Após os ajustes os modelos foram impressos. O plástico transparente e colante foi colocado sobre cada folha impressa e com o auxílio de uma régua foi esticado para evitar a formação de dobras, em seguida os modelos foram recortados.



**Figura 8:** Imagens do modelo, representando os 8 fenótipos.

Foi proposta a confecção de quatro cruzamentos teste, cada um com 1.000 indivíduos (1.000 imagens), acondicionados em envelopes. Estes 1.000 indivíduos de cada envelope representam a prole resultante do cruzamento entre duas plantas, sendo um indivíduo selvagem (triplo heterozigoto) e um indivíduo apresentando as três características recessivas (triplo recessivo). De forma que em cada envelope os 1.000 indivíduos são divididos em 8 classes fenotípicas diferentes. Embora o número de fenótipos e a quantidade total de indivíduos em cada envelope seja a mesma, o número de indivíduos de cada classe fenotípica varia em cada grupo. Isto acontece, porque em cada envelope o indivíduo triplo heterozigoto parental difere na configuração dos três genes no cromossomo, se eles estão no arranjo *cis* ou *trans*. Como pode ser observado no esquema abaixo:

Envelope 1			Envelope 2			Envelope 3			Envelope 4		
+	+	+	+	+	lf	+	a	+	+	a	lf
f			a			lf			f		

**Esquema 1:** Esquema mostrando os cromossomos dos diferentes indivíduos triplo heterozigotos. Onde a forma lobada é representada pela letra f (do inglês *fasciated*); o pedicelo verde pela letra a (*green*) e presença de folha pelas letras lf (*leafy*).

## II.2 Dos Relatórios e Questionário

Junto com os modelos, foram elaborados relatórios (envelopes 1, 2, 3 e 4 do anexo) e um questionário individual (anexo 2), os quais foram utilizados como forma de avaliação da eficiência do método. Para a elaboração dos relatórios foram realizadas modificações em um relatório já existente, utilizado pela professora responsável pela disciplina IB 455 (Genética Geral) em suas aulas práticas, em um modelo com *Drosophila*. A única diferença em cada relatório, o qual deveria ser respondido em grupo, encontra-se no procedimento 2, onde há pequenas alterações nas posições dos genes para se realizar as simulações de *crossing* e encontrar o gene central, como pode ser observado nos anexos.

## II.3 Da aplicação

Os modelos foram aplicados em duas turmas práticas da disciplina IB455 do curso de Ciências Biológicas, após os discentes terem participado de uma aula teórica sobre o mesmo assunto. Cada turma foi dividida em 3-4 grupos (3-4 alunos por grupo) pela professora responsável, cada grupo recebeu um envelope, contendo os mil indivíduos do modelo, e um relatório. Em seguida, a professora apresentou as informações necessárias para a aplicação da prática.

Após cada grupo realizar a contagem de todos os fenótipos encontrados em cada envelope, os alunos avaliaram as classes fenotípicas para interpretar qual dos três genes seria o gene central, além disso, foi solicitado no relatório, dentre outras questões, que calculassem a distância entre os genes. Cada componente do grupo também recebeu um questionário contendo questões referentes ao assunto, o qual foi elaborado especificamente para o presente trabalho.

### III. RESULTADOS E DISCUSSÃO

#### III.1 Análise dos relatórios

Conforme descrito em material e métodos, cada grupo de alunos recebeu um envelope contendo um cruzamento-teste diferente e um relatório contendo 3 procedimentos relacionados ao cruzamento, conforme consta nos anexos (Figura 9).



**Figura 9:** Aplicação do modelo: contagem dos indivíduos e separação dos fenótipos

O gabarito dos procedimentos do relatório referente ao envelope número 1 é apresentado abaixo:

A tabela a seguir corresponde à execução do procedimento número 1. Apesar de representar aqui apenas o relatório número 1, a única diferença deste para os demais é observada nas colunas “Fenótipo” e “Cromossomo materno”, isso se deve a mudança na configuração dos genes (*cis* e *trans*) no cromossomo do indivíduo parental triplo heterozigoto e conseqüentemente nas classes fenotípicas da prole (presentes em cada envelope).

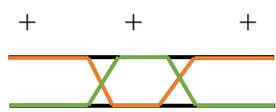
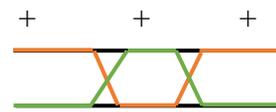
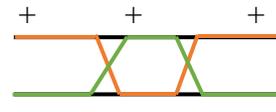
Procedimento número 1 “Separe os tomates em grupos fenotípicos e organize os valores na tabela abaixo:”

Fenótipo	Cromossomo materno	Número	%	Tipo
Selvagem	+ + +	440	85,1	Sem <i>Crossing</i>
Lobado, pedicelo verde, com folha	f a lf	441		
Pedicelo verde, com folha	+ a lf	39	6,7	<i>Crossing</i> entre f-a
Lobado	f + +	28		
Com folha	+ + lf	45	7,8	<i>Crossing</i> entre a-lf
Lobado, pedicelo verde	f a +	33		
Pedicelo verde	+ a +	2	0,4	<i>Crossing</i> duplo
Lobado, com folha	f + lf	2		

**Tabela 1:** Tabela preenchida com os resultados obtidos do cruzamento-teste entre um indivíduo triplo heterozigoto e um indivíduo triplo recessivo proposto pelo presente trabalho.

No item seguinte do relatório, os alunos tiveram a oportunidade de realizar simulações de *crossing* duplo e observar os fenótipos resultantes.

Procedimento 2 “Encontre o gene central. Para isto, faça simulações quanto às possibilidades de combinações desses três genes no genitor triíbrido, alterando apenas o gene central:”

	Resultados do <i>crossing</i>	Fenótipo
 <p>+       +       + lf       a       f</p>	<div style="border: 2px solid red; border-radius: 50%; padding: 5px; display: inline-block;"> <p>+       a       + lf       +       f</p> </div>	<p>Pedicelo verde, Com folha, lobado.</p>
 <p>+       +       + a       lf       f</p>	<p>+       lf       + a       +       f</p>	<p>Com folha, Pedicelo verde, lobado.</p>
 <p>+       +       + lf       f       a</p>	<p>+       f       + lf       +       a</p>	<p>Lobado, Com folha, pedicelo verde.</p>

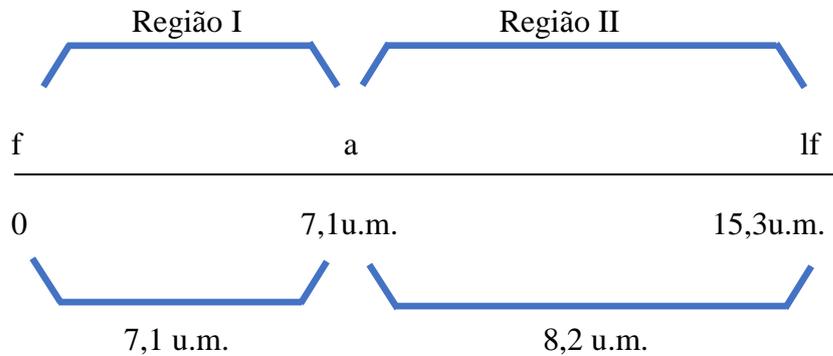
**IMPORTANTE:** Você terá encontrado o gene central quando o fenótipo de uma das simulações coincidir com o fenótipo da classe fenotípica de menor frequência.

No item 3 os discentes tiveram a chance de reforçar o conhecimento adquirido na resolução do procedimento 1, como pode ser notado nas letras a, d e e.

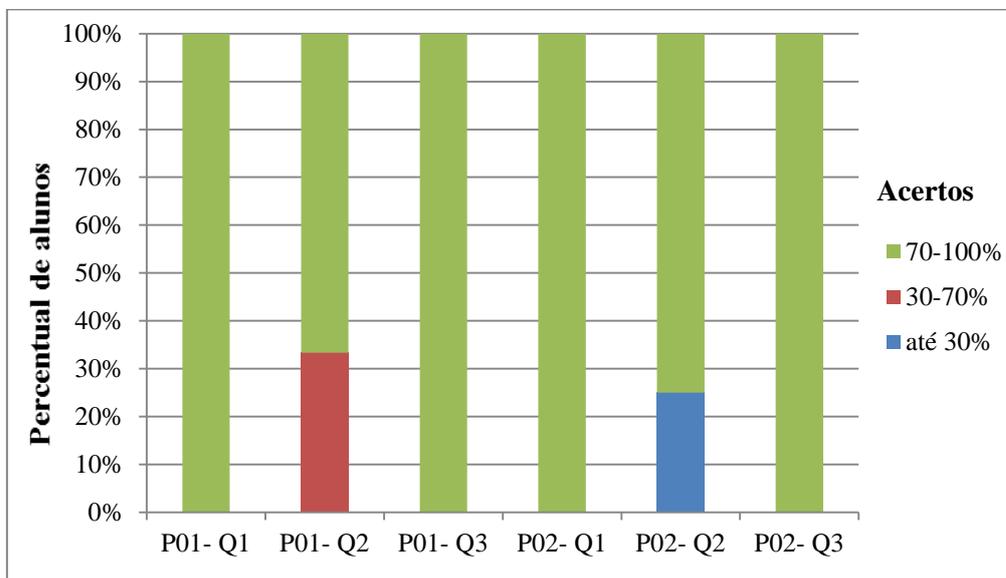
Procedimento 3 “Construa um mapa utilizando a linha abaixo:”

- Em qual configuração está o cromossomo do indivíduo triplo heterozigoto parental?  
*Resposta: Configuração cis.*
- Posicione o gene central no meio da linha;
- Coloque os outros genes nas duas extremidades;

- d) Calcule a distância entre o primeiro gene e o gene central (região I), somando a porcentagem de *crossing* simples para esta região e *crossing* duplo;
- e) Proceda da mesma maneira para encontrar a distância entre o gene central e o terceiro gene.



Após a aplicação do modelo, os relatórios e questionários individuais foram corrigidos e analisados, comparando-se o percentual de acerto para cada procedimento ou questão nas duas turmas práticas (P01 e P02) da disciplina IB455. Os resultados da análise dos relatórios são apresentados no gráfico 1.



**Gráfico 1:** Demonstrativo do percentual de acertos no relatório aplicado nas turmas práticas P01 e P02 em relação aos procedimentos 1, 2 e 3 ( Q1, Q2 e Q3).

Como é possível notar no gráfico, tanto os alunos da turma P01, quanto os da P02 obtiveram acima de 70% de acertos no procedimento 1. Neste procedimento, o

grupo que não atingiu a porcentagem total de acertos foi devido a não descrição correta de alguns fenótipos.

No procedimento 2 foi solicitado que fossem feitas simulações para se encontrar o gene central, e que se dissesse o fenótipo do indivíduo após o resultado do *crossing*. Neste caso nota-se que a turma P01 apresentou um melhor desempenho no procedimento envolvido. Nesta turma, um dos grupos ao encontrar o gene central, não realizou as outras simulações, conseqüentemente não descrevendo o fenótipo, deixando assim boa parte do procedimento sem o desenvolvimento. Na P02, um dos grupos não realizou as simulações de forma correta, conseqüentemente os fenótipos também não foram apresentados corretamente.

O procedimento 3 também apresentou resultados satisfatórios, as duas turmas ficaram enquadradas no valor de 70-100% de acertos, sendo que, os que erraram algo, tiveram um percentual de acerto de quase 90%. Nesse item havia cinco atividades a serem executadas, uma delas dependia do procedimento 2, pois pedia que eles colocassem o gene central alocado no centro da linha. Outras dependiam do procedimento 1, pois pedia que eles colocassem os outros genes alocados nas extremidades e dissessem a distância entre eles e o gene central. Também foi solicitado a configuração do indivíduo triplo heterozigoto. Boa parte dos grupos que não acertaram esse procedimento integralmente deixaram esse item em branco. Além disso, ocorreu um erro no item “c” que solicitava o posicionamento dos outros genes nas extremidades da linha. Neste caso um grupo da turma P01 colocou o gene f nas duas extremidades, deixando assim o gene lf fora do mapa.

### **III.2-Análise dos questionários.**

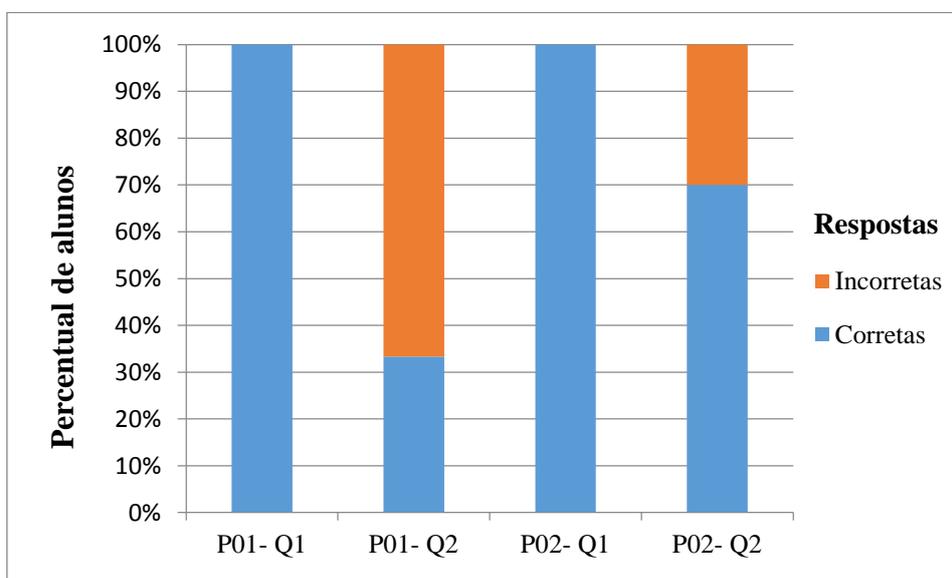
Quando os alunos finalizaram o relatório, receberam um questionário individual, onde demonstrariam o nível de entendimento tendo contato com algumas questões importantes.

A primeira questão solicitava o seguinte “Considerando três genes ligados em um mesmo cromossomo: Em um cruzamento entre um indivíduo triplo-heterozigoto com outro triplo-recessivo, quantas classes fenotípicas são esperadas na prole?” e tinha as seguintes opções:

- ( ) 4
- (X) 8
- ( ) 16

Na segunda questão encontrava-se o seguinte enunciado “Justifique a causa das classes recombinantes aparecerem em menor proporção.” Com suas respectivas opções:

- ( ) A menor proporção de classes recombinantes ocorrem ao acaso.
- (X) Quando os genes estão ligados no mesmo cromossomo, os eventos de recombinação nem sempre ocorrerão entre estes e a combinação original será mantida nos gametas.
- ( ) O menor número de indivíduos nas classes recombinantes ocorre devido a grande distância existente entre os 3 genes em estudos.



**Gráfico 2:** Demonstrativo do percentual de respostas ao questionário aplicado individualmente nas turmas P01 e P02 em relação às questões 1 e 2 ( Q1e Q2).

No gráfico 2, nota-se que na questão número 1, o entendimento relacionado ao número de fenótipos resultante do cruzamento de um indivíduo triplo heterozigoto e um triplo recessivo, se deu em 100% dos casos.

A questão número 2 dependia de uma maior atenção por ser uma questão objetiva mais longa e que dependia de conteúdo abordado na teoria. Como pode ser observado no gráfico 2, a turma P02 apresentou melhor desempenho na questão 2. Considerando que o questionário foi aplicado ao final da aula, o índice de erros pode estar relacionado ao cansaço dos alunos. Isso foi notório na P01, primeira turma de aplicação do modelo, pois alguns ajustes foram necessários no decorrer da aula, o que fez com que a mesma se estendesse além do horário esperado.

Com relação à questão 3 do questionário “Destaque os pontos positivos e os pontos negativos na prática de mapeamento utilizando o modelo dos tomates”, onde os

alunos colocaram as opiniões sobre o modelo, foi observado uma crítica negativa unânime relacionado ao número de indivíduos, “A contagem é cansativa por causa da quantidade de tomates”. Talvez esse seja um ajuste que o modelo deva sofrer, afinal uma aula precisa ser prazerosa.

Quanto aos pontos positivos, foi possível observar que mesmo havendo uma crítica em massa quanto ao número de tomates, de uma forma geral os alunos apreciaram o modelo e muitos mencionaram que o mesmo foi eficiente no processo de aprendizagem. Alguns comentários mencionados encontram-se destacados abaixo:

“Mais didático e facilita o entendimento”

“Material bem prático facilitando a visualização da aula teórica”

“Facilita a compreensão das classes e suas recombinações. Bom exercício de fixação do conteúdo”

“Nos ajudou a desenvolver o raciocínio, pra mim funcionou também como uma aula de revisão da teórica”

### **III.3- Considerações finais**

De uma maneira geral, os resultados aqui evidenciados foram bons. Como relatado acima, os discentes perceberam que o modelo ajudou no processo ensino aprendizagem.

Ainda que algumas questões aqui propostas tenham deixado lacunas, não podemos desprezar o fato que os alunos foram para a prática sem haver estudado previamente, apenas com os conteúdos expostos na aula teórica. Além disso, não podemos descartar a possibilidade de haver alunos que não tiveram contato com esse assunto no ensino básico, o que também poderia gerar uma maior dificuldade.

Acredito que a proposta da criação de um modelo didático para o ensino do mapeamento genético teve resultados positivos. Como todo modelo em fases de ajustes, este também foi um pouco trabalhoso, porém menos dispendioso, o que é bom inclusive para o ensino público. As características dos desenhos ficaram bastante distinguíveis o que facilitou a separação dos diferentes fenótipos pelos alunos.

Penso que algo a ser repensado para práticas futuras, é o número de tomates, pois, após contar um grande número de indivíduos, os alunos acabam ficando cansados para resolver o relatório e depois de tudo isso ainda resolver um questionário, isto torna a prática um pouco exaustiva.

Fundamentada nos resultados aqui obtidos, posso assegurar que uso do modelo foi eficiente e o mesmo pode ser utilizado como uma ferramenta complementar em apoio às aulas teóricas.

**IV. ANEXOS**

**ANEXO 1**

**Mapeamento de três pontos- Envelope 1**

Para o mapeamento de três genes em tomate (*Solanum lycopersicum*), serão consideradas as seguintes características: fruto com forma lobada (do inglês *fasciated* – f), pedicelo verde (*green-* a) e presença de folha (*leafy*– lf). Os tomates selvagens apresentam fruto com forma lisa, pedicelo púrpura e ausência de folhas.



*fasciated, green e leafy*



Selvagem

Para realização do mapeamento, considere um cruzamento entre um tomate *fasciated*, *green* e *leafy* (f, a, lf) com um tomate triíbrido (+++ / f, a, lf):

P:

X

Selvagem

lobado, verde e com folhas

1. Separe os tomates em grupos fenotípicos e organize os valores na tabela abaixo:

Prole:

Fenótipo	Cromossomo materno	Número	%	Tipo

2. Encontre o gene central. Para isto, faça simulações quanto às possibilidades de combinações desses três genes no genitor triíbrido, alterando apenas o gene central:

Resultados do *crossing*

Fenótipo

+	+	+
lf	a	f

+	+	+
a	lf	f

+	+	+
lf	f	a

IMPORTANTE: Você terá encontrado o gene central quando o fenótipo de uma das simulações coincidir com o fenótipo da classe fenotípica de menor frequência.

3. Construa um mapa utilizando a linha abaixo:
- f) Em qual configuração está o cromossomo do indivíduo triplo heterozigoto parental?
  - g) Posicione o gene central no meio da linha;
  - h) Coloque os outros genes nas duas extremidades;
  - i) Calcule a distância entre o primeiro gene e o gene central (região I), somando a porcentagem de *crossing* simples para esta região e *crossing* duplo;
  - j) Proceda da mesma maneira para encontrar a distância entre o gene central e o terceiro gene

---



2. Encontre o gene central. Para isto, faça simulações quanto às possibilidades de combinações desses três genes no genitor triíbrido, alterando apenas o gene central:

Resultados do *crossing*

Fenótipo

lf	+	+
+	a	f

+	lf	+
a	+	f

lf	+	+
+	f	a

IMPORTANTE: Você terá encontrado o gene central quando o fenótipo de uma das simulações coincidir com o fenótipo da classe fenotípica de menor frequência.

3. Construa um mapa utilizando a linha abaixo:
- a) Em qual configuração está o cromossomo do indivíduo triplo heterozigoto parental?
  - b) Posicione o gene central no meio da linha;
  - c) Coloque os outros genes nas duas extremidades;
  - d) Calcule a distância entre o primeiro gene e o gene central (região I), somando a porcentagem de *crossing* simples para esta região e *crossing* duplo;
  - e) Proceda da mesma maneira para encontrar a distância entre o gene central e o terceiro gene.



2. Encontre o gene central. Para isto, faça simulações quanto às possibilidades de combinações desses três genes no genitor triíbrido, alterando apenas o gene central:

Resultados do *crossing*

Fenótipo

$$\begin{array}{ccc} + & a & + \\ \hline lf & + & f \end{array}$$

$$\begin{array}{ccc} a & + & + \\ \hline + & lf & f \end{array}$$

$$\begin{array}{ccc} + & + & a \\ \hline lf & f & + \end{array}$$

IMPORTANTE: Você terá encontrado o gene central quando o fenótipo de uma das simulações coincidir com o fenótipo da classe fenotípica de menor frequência.

3. Construa um mapa utilizando a linha abaixo:
- Em qual configuração está o cromossomo do indivíduo triplo heterozigoto parental?
  - Posicione o gene central no meio da linha;
  - Coloque os outros genes nas duas extremidades;
  - Calcule a distância entre o primeiro gene e o gene central (região I), somando a porcentagem de *crossing* simples para esta região e *crossing* duplo;
  - Proceda da mesma maneira para encontrar a distância entre o gene central e o terceiro gene.
-



2. Encontre o gene central. Para isto, faça simulações quanto às possibilidades de combinações desses três genes no genitor triíbrido, alterando apenas o gene central:

Resultados do *crossing*

Fenótipo

$$\begin{array}{ccc} + & + & f \\ \hline lf & a & + \end{array}$$

$$\begin{array}{ccc} + & + & f \\ \hline a & lf & + \end{array}$$

$$\begin{array}{ccc} + & f & + \\ \hline lf & + & a \end{array}$$

IMPORTANTE: Você terá encontrado o gene central quando o fenótipo de uma das simulações coincidir com o fenótipo da classe fenotípica de menor frequência.

3. Construa um mapa utilizando a linha abaixo:
- Em qual configuração está o cromossomo do indivíduo triplo heterozigoto parental?
  - Posicione o gene central no meio da linha;
  - Coloque os outros genes nas duas extremidades;
  - Calcule a distância entre o primeiro gene e o gene central (região I), somando a porcentagem de *crossing* simples para esta região e *crossing* duplo;
  - Proceda da mesma maneira para encontrar a distância entre o gene central e o terceiro gene.

---

## ANEXO 2

### Mapeamento de 3 pontos – Questionário aula prática

1. Considerando três genes ligados em um mesmo cromossomo: Em um cruzamento entre um indivíduo triplo-heterozigoto com outro triplo-recessivo, quantas classes fenotípicas são esperadas na prole?  
 4  
 8  
 16
  
2. Justifique a causa das classes recombinantes aparecerem em menor proporção.  
 A menor proporção de classes recombinantes ocorrem ao acaso.  
 Quando os genes estão ligados no mesmo cromossomo, os eventos de recombinação nem sempre ocorrerão entre estes e a combinação original será mantida nos gametas.  
 O menor número de indivíduos nas classes recombinantes ocorre devido a grande distância existente entre os 3 genes em estudos.
  
3. Destaque os pontos positivos e os pontos negativos na prática de mapeamento utilizando o modelo dos tomates.

## V. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALBERTS, B.; JOHNSON, A.; LEWIS, J.; RAFF, M.; ROBERTS, K.; WALTER, P. **Biologia Molecular da Célula**. 5ª ed. Porto Alegre: ArtMed, 2010.

DURBANO, J. P. D. M.A **História da Genética clássica nos livros-texto de biologia de nível médio brasileiros: uma análise do *crossing-over* (permuta)**.III Conferencia Latinoamericana del International, History and Philosophy of Science Teaching Group IHPST-LA 2014.Santiago de Chile, 17-19 de noviembre. Comunicación oral CO16.

FARAH, S.B. **DNA segredos e mistérios**. 2ª ed. São Paulo: Sarvier, 2007.

GRIFFITHS, A. J. F.; WESSLER, S. R.; LEWONTIN, R. C.; GELBART, W. M.; SUZUKI, D. T.; MILLER, J. H. **Introdução à Genética**. 9ª ed. – Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2008.

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 do Mudi, v. 10, n. 2, p. 35-40, 2006.

LEITE, R. C. M. **A produção coletiva do conhecimento científico: um exemplo no ensino de genética**. Tese (Programa de Pós-Graduação em Educação do Centro de Ciências da Educação) Universidade Federal de Santa Catarina 2004. p.11

LEAL, E. V. **Desenvolvimento de modelo didático para o ensino de mapeamento genético como facilitador do processo ensino aprendizagem**. Monografia (Licenciatura em Ciências Biológicas) Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro 2010.

LIMA, D. B.; GARCIA, R.N. **Uma investigação sobre a importância das aulas práticas de Biologia no Ensino Médio**. Cadernos do Aplicação, Porto Alegre, v. 24, n. 1, p. 201-224, 2011.

PIERCE, B. A. **Genética um enfoque conceitual**. Editora Guanabara Koogan. Rio de Janeiro, RJ- 2004.

ROCHA, R. B.; PEREIRA, J. F., CRUZ, C. D.; QUEIROZ, M. V.; ARAÚJO, E. F. O mapeamento genético no melhoramento de plantas: teoria e aplicações inseridas em um programa de melhoramento de plantas. **Revista Biotecnologia Ciência e Desenvolvimento**, v. 30, p. 27-32, 2003.

SNUSTAD, D. P.; SIMMONS, M.J. **Fundamentos de genética**. 4ª ed. – Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2008.

WATSON, J. D. **DNA: o segredo da vida**. 2ª ed. – São Paulo: Companhia das Letras, 2005.