



UNIVERSIDADE FEDERAL DE PERNAMBUCO
CENTRO ACADÊMICO DE VITÓRIA
MESTRADO PROFISSIONAL EM ENSINO DE BIOLOGIA

ÂNIA PATRÍCIA BEVENUTO DA SILVA

**UTILIZAÇÃO DO DNA FORENSE COMO FERRAMENTA AUXILIAR NA
COMPREENSÃO DE TEMAS BÁSICOS DA GENÉTICA MENDELIANA E
MOLECULAR**

Vitória de Santo Antão – PE
2022

ÂNIA PATRÍCIA BEVENUTO DA SILVA

**UTILIZAÇÃO DO DNA FORENSE COMO FERRAMENTA AUXILIAR NA
COMPREENSÃO DE TEMAS BÁSICOS DA GENÉTICA MENDELIANA E
MOLECULAR**

Trabalho de Conclusão de Mestrado – TCM -
apresentado ao Mestrado Profissional em
Ensino de Biologia de Rede Nacional –
PROFBIO, do Centro Acadêmico de Vitória, da
Universidade Federal de Pernambuco, como
requisito parcial para a obtenção do título de
Mestre em Ensino de Biologia.

Área de Concentração: Ensino de Biologia

Orientador: Professor Dr. José Eduardo Garcia

Catálogo na Fonte
Sistema Integrado de Bibliotecas da UFPE. Biblioteca Setorial do CAV.
Bibliotecário Ana Lígia F. dos Santos, CRB-4/2005

S586u Silva, Ânia Patrícia Bevenuto da.
Utilização do DNA forense como ferramenta auxiliar na compreensão de temas básicos da genética mendeliana e molecular/ Ânia Patrícia Bevenuto da Silva. - Vitória de Santo Antão, 2022.
99 f.; il., fig., tab.

Orientador: José Eduardo Garcia.
Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Pernambuco, CAV, Mestrado Profissional em Ensino de Biologia em rede Nacional - PROFBIO, 2022.

Inclui referências, apêndices e anexo.

1. Impressões Digitais de DNA. 2. Genética. 3. Ensino. I. Garcia, José Eduardo (Orientador). II. Título.

573.21 CDD (23. ed.)

BIBCAV/UFPE - 010/2023

ÂNIA PATRÍCIA BEVENUTO DA SILVA

**UTILIZAÇÃO DO DNA FORENSE COMO FERRAMENTA AUXILIAR NA
COMPREENSÃO DE TEMAS BÁSICOS DA GENÉTICA MENDELIANA E MOLECULAR**

Dissertação apresentada ao Mestrado Profissional em Ensino de Biologia do Centro Acadêmico de Vitória da Universidade Federal de Pernambuco, como requisito parcial para obtenção do título de Mestre em Ensino de Biologia.

Área de concentração: Ensino de Biologia

Aprovada em: 25/08/2022

Participação por Videoconferência

**Orientador: Dr. José Eduardo Garcia
Universidade Federal de Pernambuco**

BANCA EXAMINADORA:

Participação por Videoconferência

**Dr. José Eduardo Garcia
Universidade Federal de Pernambuco**

Participação por Videoconferência

**Dr.^a Ana Cristina Lauer Garcia
Universidade Federal de Pernambuco**

Participação por Videoconferência

**Dr.^a Vanessa Roma Moreno Cotulio
Universidade Federal de Alfenas/MG**

AGRADECIMENTOS

A finalização de um ciclo é o momento em que se revivem mentalmente situações com um misto de sentimentos difíceis de traduzir em palavras, afinal de contas, uma sensação emotiva não se explica, experiencia-se. Considerando esse aspecto, rendo-me ao uso de pouco vocabulário e condenso o que vivencio em uma só palavra: gratidão!

Sou grata a Deus pelo dom da vida, pelo sustento, pela proteção e pela graça de poder viver esse momento;

Aos meus pais, Antônio Bevenuto e Ednalva Lopes, a quem devo tudo o que sou, e às minhas irmãs, Acza Mísia e Helena Luiza, pelo apoio irrestrito;

Ao professor José Eduardo, pela orientação, pela paciência e pelo incentivo em meio a tantas atividades que lhe competem;

Aos professores do ProfBio/UFPE/CAV, pela dedicação, ao professor Kênio Erithon, pela contribuição e pela disponibilidade;

Ao professor Cristiano Chagas e a todos os que fazem parte da Coordenação e da Secretaria local do ProfBio, pelas orientações;

Aos participantes desta pesquisa, que contribuíram gentilmente, fazendo as atividades e respondendo aos questionários;

À equipe gestora da EREM Pradines e a todos os colegas de trabalho, pela parceria;

Aos colegas do Mestrado, pelos momentos de descontração, apoio e aprendizagem que compartilhamos;

Ao ProfBio – Mestrado Profissional em Ensino de Biologia em Rede Nacional;

A todos os que não foram inseridos no texto, mas fizeram parte dessa rede de apoio durante a realização deste trabalho;

Este trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001;

Muito obrigada!

RELATO DO MESTRANDO

Instituição: Universidade Federal de Pernambuco
Mestranda: Ânia Patrícia Bevenuto da Silva
Título do TCM: Utilização do DNA forense como ferramenta auxiliar na compreensão de temas básicos da genética mendeliana e molecular
Data da defesa: 25/08/2022
<p>Desde a minha graduação, alimentava o desejo de cursar um Mestrado. Porém, devido às dificuldades de conciliar trabalho, estudo e outras demandas, a realização desse sonho foi adiada durante anos.</p> <p>Enfim, chegou a oportunidade que almejava. Entretanto, logo no início do curso, deparei-me com a pandemia da covid-19, o que tornou a caminhada em uma pós-graduação <i>stricto sensu</i> completamente diferente do esperado.</p> <p>Desafiados por um vírus, em meio às incertezas e ao caos vivenciados nesse período, todos nós reconfiguramos nossa prática e seguimos em frente. Foram aulas remotas com professores e estudantes unidos apenas por uma tela de computador. Contudo, a despeito das adversidades experienciadas nesse período, a necessidade de superar nos proibiu de desistir.</p> <p>A persistência gerou bons resultados. O ProfBio contribuiu para melhorar minha prática pedagógica e fez-me experimentar novas metodologias para o ensino, como o ensino por investigação, que, até então, não conhecia. O contato com a escrita científica, a possibilidade de investigar um problema em minha sala de aula e a ampliação da visão com relação a temas de biologia são benefícios que não são só meus, mas também, de alguma maneira, refletem nos estudantes e na comunidade escolar com que me relaciono.</p> <p>Finalizo o Mestrado Profissional em Ensino de Biologia em rede nacional - ProfBio, com satisfação por viver esses anos de crescimento profissional e humano que há tantos anos sonhara.</p>

“Cada pessoa deve trabalhar para o seu aperfeiçoamento e, ao mesmo tempo, participar da responsabilidade coletiva por toda a humanidade”.

(Marie Curie)

RESUMO

O ensino de genética tem se mostrado desafiador, por ser considerado um tema complexo que, muitas vezes, resulta na memorização de conceitos que gerando um distanciamento entre seus conteúdos e as vivências do cotidiano dos estudantes. Tendo em vista esses obstáculos, este estudo objetivou desenvolver uma intervenção didática baseada no ensino por investigação que possa ser empregada como auxiliar no processo de aprendizagem de conceitos de genética. Para tanto, foram envolvidos dez estudantes do ensino médio de uma Escola de Referência em Ensino Médio na Ilha de Itamaracá/PE. As atividades da Sequência Didática Investigativa foram divididas em três etapas: (1) aulas teórica e prática; (2) aulas práticas com a construção e a representação de perfis de DNA *fingerprinting*, utilizando materiais de baixo custo; e (3) a construção e apresentação pelos estudantes de uma cena de um crime fictício, na qual os discentes tiveram o seu dia de peritos criminais. Os resultados obtidos por meio de questionários pré e pós-teste, diário de bordo e falas gravadas possibilitaram inferir que o objetivo do estudo foi alcançado, uma vez que o uso da genética forense, como instrumento de ensino, possibilitou o desenvolvimento de uma postura investigativa, estimulou a reflexão, promoveu o engajamento e a interação entre os conhecimentos obtidos nas aulas teóricas e práticas e consolidou conceitos básicos de genética mendeliana e molecular.

Palavras-chave: DNA *fingerprinting*; ensino de genética; ensino por investigação; ludicidade.

ABSTRACT

The teaching of genetics has been challenging because it is considered a complex topic that often results in the memorization of concepts, generating a gap between its contents and the students' daily experiences. Given this obstacle, this study aimed to develop a didactic intervention based on inquiry-based teaching that can be used as an aid in the process of learning genetic concepts. To this end, a didactic intervention was developed involving ten high school students from a High School Reference School in Ilha de Itamaracá/PE. The activities of the Investigative Didactic Sequence were divided into three stages: (1) theoretical and practical classes; (2) practical classes with the construction and representation of DNA fingerprinting profiles, using low cost materials; and finally, (3) the construction and presentation by the students of a role-playing of a fictitious crime scene, in which the students had their day as a criminal experts. The results obtained through pre and post-test questionnaires, logbook and recorded speeches, allow us to infer that the objective of the study was achieved, since the use of forensic genetics, as a teaching tool, enabled the development of an investigative posture, stimulated reflection, promoted engagement and interaction between the knowledge obtained in theoretical and practical classes, consolidating basic concepts of Mendelian and molecular genetics.

Keywords: DNA *fingerprinting*; teaching genetics; inquiry-based teaching; ludic.

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO.....	11
2	OBJETIVO GERAL.....	13
2.1	OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....	13
3	FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA.....	14
3.1	IDENTIFICAÇÃO HUMANA.....	14
3.2	DNA <i>FINGERPRINTING</i> EM INVESTIGAÇÕES CRIMINAIS.....	15
3.3	TÉCNICAS DE DNA FORENSE.....	15
3.4	DNA FORENSE NO ÂMBITO EDUCACIONAL.....	18
3.5	ENSINO POR INVESTIGAÇÃO.....	22
4	METODOLOGIA.....	25
4.1	DESENHO DA PESQUISA.....	25
4.2	O CONTEXTO ESCOLAR E OS PARTICIPANTES DA PESQUISA.....	25
4.3	ASPECTOS ÉTICOS.....	26
4.4	ELABORAÇÃO DA SEQUÊNCIA DIDÁTICA.....	26
4.5	DINÂMICA DA PESQUISA.....	26
4.5.1	Inicialização	27
4.5.1.1	<i>Concepções prévias dos estudantes.....</i>	27
4.5.1.2	<i>Contextualização e embasamento teórico.....</i>	27
4.5.1.3	<i>Aula prática.....</i>	29
4.5.2	Atividade investigativa.....	29
4.5.2.1	<i>Problematização e início da construção do produto.....</i>	29
4.5.2.2	<i>Resultado da pesquisa dos estudantes.....</i>	31
4.5.2.3	<i>Construção de perfis genéticos e discussão.....</i>	31
4.5.3	Culminância.....	33
4.5.3.1	<i>Produto do estudante.....</i>	33
4.5.4	Avaliação.....	33
5	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	35
5.1	ANÁLISE DA SEQUÊNCIA DIDÁTICA INVESTIGATIVA.....	35
	CONSIDERAÇÕES SOBRE A SEQUÊNCIA DIDÁTICA	
5.2	INVESTIGATIVA.....	40

5.3	ARTIGO - UTILIZAÇÃO DO DNA FORENSE COMO FERRAMENTA AUXILIAR NA COMPREENSÃO DE TEMAS BÁSICOS DA GENÉTICA MENDELIANA E MOLECULAR.....	41
	CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	61
	REFERÊNCIAS.....	62
	APÊNDICE A – QUESTIONÁRIOS PRÉ E PÓS-TESTE.....	66
	APÊNDICE B – MATERIAL DE APOIO.....	69
	APÊNDICE C – INSTRUMENTAL DE ESQUEMAS DE CROMOSSOMOS.....	70
	APÊNDICE D – INSTRUMENTAL DE ELETROFORESE CAPILAR	76
	APÊNDICE E – PRODUTO EDUCACIONAL.....	79
	ANEXO A - DOCUMENTO DE APROVAÇÃO DO COMITÊ DE ÉTICA.....	99

1 INTRODUÇÃO

A grande área da ciência conhecida como Genética trouxe luz para questionamentos que, ao longo da trajetória humana, estiveram sem respostas revelou como as características são herdadas, possibilitou a distinção entre seres vivos e atestou a unicidade dos indivíduos. Desde Mendel até os dias atuais, o avanço do conhecimento nessa área e suas aplicações na esfera social são evidentes, por meio das mais avançadas técnicas de biotecnologia e do uso corriqueiro de termos técnicos, como DNA, por exemplo, pela população. Para entender a Genética como ciência, é necessário compreender os termos específicos da área, e esse é um dos grandes desafios dos professores, especialmente no ensino médio (LEAL; MEIRELLES; RÔÇAS, 2019).

Grande parte dos estudantes considera a Genética como uma das áreas de maior interesse da Biologia. No entanto, o conteúdo também é considerado complexo, provavelmente por ter abstrações que vão desde o entendimento da célula e seus componentes até pressupostos de outras disciplinas como Matemática e Química (MALAFAIA; BÁRBARA; RODRIGUES, 2010; GRÖSZ; ALMEIDA, 2017; ALVES; CAMPOS; WASKO, 2021). Essas complexidades e necessidade de abstração geram desmotivação, principalmente devido à pouca execução de aulas práticas, o que leva estudantes e professores a escolherem um caminho aparentemente mais simples e rápido: a memorização de conceitos, que torna o estudo sem sentido e muito distante do cotidiano dos estudantes (FABRÍCIO *et al.*, 2006; GONZAGA *et al.*, 2012; PEIXE *et al.*, 2017).

As atividades lúdicas têm grande potencial para abordar temas complexos como os da Genética (TEIXEIRA; NASCIMENTO, 2020), porém não devem ser utilizadas apenas como uma estratégia recreativa, mas como um princípio formativo que vise a uma aprendizagem significativa (LEAL; D'ÁVILA, 2013).

A estratégia de ensino por investigação preconiza o desenvolvimento da liberdade intelectual do indivíduo com uma abordagem em que os conhecimentos prévios são valorizados. Deve oferecer condições para que os estudantes resolvam problemas e levantem hipóteses para explicar o fenômeno apresentado. Dessa maneira, podem-se explorar não somente os conceitos científicos, mas também atitudes práticas que se assemelham às da própria ciência (SASSERON, 2015).

O DNA forense tem sido abordado e difundido pelos meios de comunicação através de filmes do gênero policial e em formato seriado. Esse gênero se popularizou entre todas as faixas etárias a partir de adolescentes, possivelmente por incorporar questões científicas relacionadas

a temas políticos e sociais (FURUZAWA, 2014). Além disso, problemas relativos a esse tema presentes na realidade e que interessam aos estudantes podem ser levantados e unidos a uma abordagem inovadora. O tema é relevante para o ensino devido à sua interdisciplinaridade, porque correlaciona saberes de outras áreas, como a Química e as Ciências da Natureza, por ser um tema de implicação social.

Este trabalho foi idealizado com a finalidade de contribuir para a aprendizagem em Genética no ensino médio de forma dinâmica e produtiva, utilizando o tema DNA forense, que pode facilmente ser pautado no ensino por investigação e aproximar o estudante do fazer científico em uma perspectiva lúdica.

2 OBJETIVO GERAL

Desenvolver uma Sequência Didática (SD) baseada no ensino por investigação, a partir do DNA forense, para auxiliar o processo de ensino-aprendizagem de temas da Genética no ensino médio.

2.1 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Relacionar, de maneira contextualizada, técnicas de DNA forense com conceitos de genética mendeliana e molecular;
- Avaliar o impacto da ferramenta DNA forense como auxiliar no processo de ensino-aprendizagem de genética;
- Elaborar um artigo para publicação destinado aos professores do ensino médio que sirva como guia para aplicar a SD proposta para ser utilizada como ferramenta pedagógica.

3 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

3.1 IDENTIFICAÇÃO HUMANA

Segundo Jobim *et al.* (2018), identificar significa dizer que uma pessoa ou um objeto é igual somente a ele mesmo e diferente de todos os demais. A identificação individual e a confirmação da paternidade sempre preocuparam os seres humanos, devido à sua importância na esfera civil e na criminal. “A identificação civil de uma pessoa é, portanto, o nascimento jurídico daquele ser para a sociedade, advindo daí todos os direitos e deveres como cidadão” (ESPÍNDULA, 2013, p. 149). No âmbito criminal, a identificação humana é feita em casos em que é necessária uma investigação, que vai além de identificar suspeitos de crimes. Pode ser utilizada, por exemplo, para absolver inocentes, identificar pessoa morta em estado de putrefação, dar alívio às famílias de desaparecidos, em casos de investigação de paternidade, trocas de crianças na maternidade, identificação de recém-nascidos, suspeita de troca de cadáveres em cemitérios, entre outros (JOBIM *et al.*, 2018).

Devido a essa necessidade, várias formas e técnicas foram aplicadas para a identificação humana ao longo dos anos, mas, nem sempre, foram precisas. Atualmente, a utilização do DNA com fins de identificação humana é considerado um meio eficaz por causa de sua precisão científica e do grau de certeza superior a 99,99%. Isso se deve ao fato de as variações genéticas inerentes à espécie conferirem individualidade genômica, menos nos casos de gêmeos univitelinos que têm genomas iguais (ESPÍNDULA, 2013).

O genoma humano apresenta diversas regiões polimórficas, como, por exemplo, sequências de nucleotídeos que se repetem, que são denominadas minissatélites e microssatélites. As minissatélites ou VNTR (*Variable Number of Tandem Repeats* - Número Variável de Repetições em Tandem) são sequências formadas por unidades de extensão variável repetidas em número diferente em cada indivíduo (JEFFREYS; WILSON; THEIN, 1985). Os microssatélites ou STR (*Short Tandem Repeats* - Repetições Curtas em Tandem) são parecidos com os minissatélites, mas com estrutura repetida menor, 2-6 nucleotídeos, amplamente aplicados em análises forenses (DIAS FILHO *et al.*, 2020).

Outra característica importante do DNA nuclear para a identificação humana é o fato de cada indivíduo herdar um cromossomo materno e outro paterno, em que essas estruturas repetitivas segregam, seguindo a Lei de Mendel. Isso é importante para identificar vínculos de parentesco (JOBIM *et al.*, 2018).

3.2 DNA *FINGERPRINTING* EM INVESTIGAÇÕES CRIMINAIS

A utilização do DNA com fins de identificação humana destacou-se em meados dos anos 80, quando Alec Jeffreys, da Universidade de Leicester, indicou polimorfismos distribuídos em todo o genoma humano do tipo minissatélites ou VNTR, que poderiam ser empregados para identificar as pessoas por serem variações únicas para cada ser humano, seguindo a ideia das impressões digitais, razão por que é denominado de DNA *fingerprinting* (JEFFREYS; WILSON; THEIN, 1985).

Em 1988, o DNA *fingerprinting* foi utilizado, na Inglaterra, pela primeira vez, para elucidar crime nos assassinatos de Lynda Mann e Dawn Ashcroft, ocorridos em 1983 e 1986, respectivamente. Os crimes apresentaram a mesma dinâmica, pois ambas foram violentadas e assassinadas aos 15 anos de idade. A Polícia coletou sêmen nos dois casos, e um homem chamado Richard Buckland confessou os dois crimes. Porém, com a análise de Jeffreys, constatou-se que os sêmens, nos dois casos, pertenciam ao mesmo homem, mas ele não era o Buckland, que deixou de ser culpado para ser o primeiro homem inocentado pelo DNA.

A Polícia lançou uma campanha de doação de sangue. Jeffreys analisou 3,6 mil homens da região, mas, em nenhum deles, foi encontrado um DNA correspondente, até que, em 1988, uma mulher ouviu uma conversa em que um homem teria entrado na fila para doar sangue no lugar de um padeiro chamado Colin Pitchfork, que, posteriormente, foi interpelado pela Justiça. Quando o *fingerprinting* foi construído e comparado com o das amostras da cena do crime, foi confirmado que Pitchfork era o culpado. Ele confessou o crime e foi condenado à prisão perpétua. Esse caso entrou para a história como o primeiro caso de crime resolvido pela análise do DNA (BARBOSA; ROMANO, 2018). Desde então, a tecnologia tem avançado e as técnicas têm sido aprimoradas.

3.3 TÉCNICAS DE DNA FORENSE

A Genética forense auxilia a Justiça em investigações criminais, utilizando técnicas para analisar vestígios biológicos, geralmente encontrados nas cenas do crime, para identificar suspeitos (OLIVEIRA; MORAES-FILHO, 2018). Uma técnica bastante utilizada, que causou grande impacto na comunidade científica, foi a *Polymerase Chain Reaction* (PCR - Reação em Cadeia da Polimerase), desenvolvida por Mullis *et al.* (1986). Trata-se de uma técnica que reproduz, em laboratório, a replicação do DNA que ocorre, naturalmente, no núcleo das células.

A PCR tem a capacidade de clonar fragmentos específicos de DNA. Como é uma técnica muito sensível, pode detectar uma molécula de DNA em uma amostra, desde que se conheça

uma parte da sequência (ALBERTS *et al.*, 2017). Por essa razão, tem sido utilizada para identificação humana no âmbito criminal, pois possibilita analisar amostras degradadas e com um número reduzido de células e vestígios, como, por exemplo, marcas de mordida, pontas de cigarro, amostras de tecidos, ossos velhos queimados, objetos tocados, entre outras amostras desafiadoras (VAN OORSCHOT; BALLANTYNE; MITCHELL, 2010).

Depois de se extrair o DNA, que consiste, basicamente, em romper a membrana celular e a nuclear e purificar a solução de ácidos nucleicos, realiza-se a técnica de PCR, por meio das seguintes etapas: 1) colocam-se, em um tubo, as matérias-primas para amplificar o DNA, a saber: a amostra do DNA a ser replicado, a enzima DNA polimerase (*Taq* DNA polimerase), os *primers* (iniciadores que irão localizar a região a ser replicada), os nucleotídeos de DNA trifosfatados, cloreto de magnésio ($MgCl_2$) e tampões; 2) Insere-se esse tubo em um equipamento que provoca variações de temperatura de forma cíclica (termociclador) e possibilita a produção de várias cópias dos fragmentos do genoma onde estão as regiões polimórficas necessárias para a análise (Figuras 1 e 2).

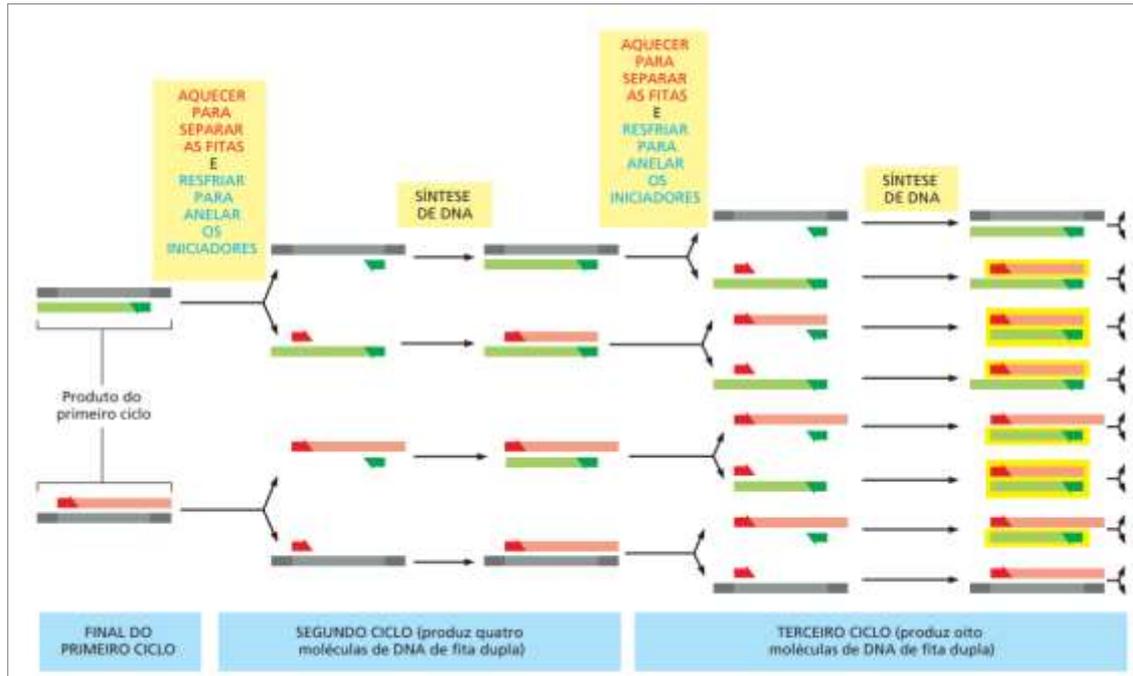
Figura 1 – Esquema do primeiro ciclo da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) de uma sequência-alvo



Fonte: Alberts *et al.* (2017, p. 473).

Legenda: (1) O DNA é aquecido para separar as duas fitas, (2) resfriado para que os iniciadores se liguem na região alvo limitando a sequência de interesse a ser amplificada, e em seguida (3), ocorre a síntese de DNA pela DNA polimerase utilizando os nucleotídeos de DNA trifosfatados, o que resulta em cadeias novas representadas nas cores rosa e verde.

Figura 2 – Esquema resumido das repetições dos ciclos da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) em uma sequência-alvo



Legenda: A fita recém-sintetizada no primeiro ciclo serve como molde para o ciclo subsequente, e assim, sucessivamente. Os ciclos de aquecimento e resfriamento na mesma amostra se repetem, duplicando as cadeias de DNA sintetizadas a cada ciclo. Depois de, aproximadamente, 20 e 30 ciclos, são obtidas sequências de DNA idênticas às que foram limitadas pelos iniciadores, assim como estão representadas, no terceiro ciclo, as cadeias envoltas pela cor amarela.

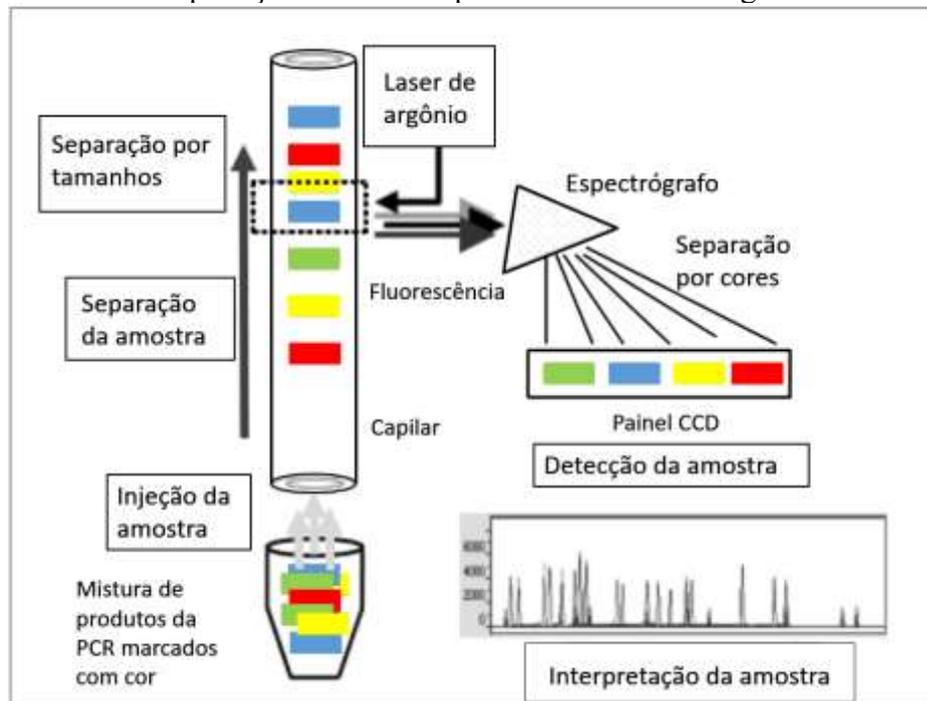
Várias sequências-alvo podem ser amplificadas simultaneamente (Sistema multiplex), o que resulta em cadeias com tamanhos distintos, porque os *loci* alvo têm números de repetições de nucleotídeos diferentes. Os produtos gerados pela PCR são separados e detectados por analisadores ou sequenciadores de DNA, como, por exemplo, a eletroforese capilar.

Na eletroforese capilar, os produtos da PCR são separados em tubos cujo diâmetro interno é reduzido (capilar) preenchidos com um polímero (poliacrilamida), os quais são submetidos a um campo elétrico com alta voltagem. Os fragmentos de DNA, que são carregados eletricamente, migram em direção ao eletrodo de carga oposta em velocidades diferentes. Os fragmentos maiores migram de forma mais lenta, e os menores, com mais velocidade. Assim, os fragmentos são separados por tamanho. O *primer*, conjugado com o fluorocromo, emite um sinal de fluorescência que é captado por um laser, que é um sistema com detecção de múltiplas cores, que possibilita analisar mais de um comprimento de onda simultaneamente dando celeridade aos resultados (DIAS FILHO *et al.*, 2020).

Os alelos captados por fluorescência em sequenciadores automáticos podem ser apresentados tanto em bandas coloridas quanto em picos em sinais gráficos nos eletroferogramas (BONACCORSO, 2005). Na figura abaixo, apresenta-se um esquema de

sequenciamento automático.

Figura 3 – Ilustração esquemática de eletroforese capilar demonstrando a separação de fragmentos do DNA por tamanho, emissão de fluorescência detectada por meio do laser e interpretação da amostra por meio de eletroferograma



Fonte: Adaptado de Butler (2004)

No Brasil, atualmente se utiliza um conjunto de 13 *loci* para exames forenses, o mesmo instituído pelo *Federal Bureau of Investigation* (FBI) - Departamento Federal de Investigação), desde 1997, nos Estados Unidos. Foram criados bancos de perfis genéticos para possibilitar o confronto entre amostras colhidas em cena de crimes e suspeitos para identificar criminosos (DIAS FILHO *et al.*, 2020).

3.4 O DNA FORENSE NO ÂMBITO EDUCACIONAL

Apesar de o DNA forense ser um tema com grande potencial para favorecer o engajamento dos estudantes em atividades, devido à influência de filmes e de séries de TV, que sempre apresentam grande apelo ao público adolescente, no contexto educacional, as publicações que envolvem a genética forense não são muito frequentes.

Reed (2001) descreveu uma simulação em que os estudantes são suspeitos de um furto na própria escola. Nessa atividade, foram trabalhados conceitos de eletroforese e enzimas de restrição para construir o DNA *fingerprints*. Os estudantes mesmos criaram as moléculas

cortadas com tesoura (representando enzimas de restrição), confeccionaram os perfis e todos foram inseridos no quadro negro da sala, possibilitando comparações. Eles atuaram como suspeitos e analistas, simultaneamente. Nesse relato, o autor considerou que a atividade foi uma maneira prática e fácil de expor a técnica, especialmente quando não se tem equipamentos. A simulação reflete os pontos principais da técnica de eletroforese. Para que a aprendizagem seja mais eficaz, o autor sugere, como complemento, o uso de fotos e textos apropriados sobre a técnica real.

Um jogo de tabuleiro denominado ‘Conhecendo a célula’, que envolvia biologia celular e molecular, foi trabalhado por Cardona *et al.* (2007). O referido jogo levantou questões sobre DNA forense em pistas para resolver um caso de roubo. Para encontrar o ladrão, os jogadores precisaram usar e interpretar algumas técnicas e conceitos de biologia molecular, como polimorfismo genético e sequências repetitivas de DNA, extração de DNA de diferentes amostras, replicação de DNA, eletroforese em gel de DNA, PCR, genes, mutações e variabilidade. Esse jogo brasileiro foi testado na Suíça, com a participação de 18 estudantes de nacionalidades diferentes e 32 professores, também heterogêneos quanto à nacionalidade e quanto à formação (22 em formação sem contato prévio com estudantes e 10 graduados com experiência com estudantes de ensino médio). Nesse jogo, a receptividade foi avaliada quanto à afinidade e ao nível de dificuldade dos estudantes e dos professores. Apresentou resultado, positivo no que diz respeito à motivação e à abordagem eficaz para as diferentes origens socioeconômicas e culturais dos estudantes e demonstrou ser uma ferramenta para abordagem pedagógica destinada ao ensino de temas de biologia molecular.

Palmer (2010) utilizou personagens da série Harry Potter para estimular o interesse dos estudantes. Para isso, recorreu à abordagem RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism* - Polimorfismo no Comprimento dos Fragmentos de Restrição) e usou materiais de baixo custo e com dados de uma cena de crime simulada para os estudantes analisarem. A autora defende a utilização da técnica RFLP para o ensino, por considerar que pode abrir discussões sobre as técnicas de perfil mais atualizadas, e aponta limitações dos perfis genéticos de uso forense.

Wallace-Müller (2011) sugeriu o jogo do detetive como material didático pensado para estudantes com idades entre 10 e 15 anos. O revisor preconizou que esse jogo fosse utilizado com estudantes mais velhos. O jogo apresenta um crime fictício – homicídio – que deve ser investigado e disponibiliza materiais, como cartões com os perfis de DNA, declarações de suspeitos, além de todo o percurso para o desenvolvimento do jogo com sugestão de duração de 30 minutos e tempo adicional para as discussões. Antes de apresentar o jogo, o autor recomendou que se explicasse aos estudantes como funciona o DNA *fingerprinting* e a

diferenciá-lo (perfil) de sequenciamento do genoma completo. O jogo inicia com a leitura da narrativa da dinâmica do crime pelo investigador-chefe (o professor), enquanto os investigadores (os estudantes) observam a cena (que poderá ter um estudante deitado como vítima com a arma do crime próxima), colhem os vestígios e anotam suas impressões acerca do depoimento de suspeitos. Para identificar o culpado, compararam os perfis colhidos dos suspeitos com os dos vestígios da cena do crime, mas só encontraram correspondência em perfis no banco de DNA (cartões em posse do professor). Por fim, quando o criminoso foi descoberto, leu sua confissão. Finalizando o jogo, seguem-se as discussões provocadas por perguntas sobre as questões éticas associadas à utilização de bancos de DNA.

Meraw (2012) descreveu uma atividade em que os estudantes criaram vários *fingerprintings* para criar um banco de perfis genéticos e desenvolver um jogo envolvendo fenótipos e genótipos, analisando essa relação e comparando os perfis construídos. A atividade pode ser modificada e incluir conceitos como crossing over, eletroforese e polimorfismo. Pode ser trabalhada facilmente com o tema hereditariedade, reprodução ou meiose. O autor a descreveu como uma atividade altamente envolvente, com baixo custo, que pode ser direcionada a estudantes em diferentes níveis de escolaridade, sem preocupações especiais com segurança.

Christensen (2013) apresentou a simulação de uma produção de DNA *fingerprinting* para professores utilizarem em sala de aula para substituir ou anteceder o uso de laboratório, com o intuito de demonstrar a técnica para identificar criminosos e vínculos de parentesco. Utilizou a representação de cromossomo com repetições de sequências nucleotídicas do tipo minissatélites para simular PCR e, posteriormente, perfil em eletroforese em gel. Nessa atividade, que foi caracterizada como de baixo custo, podem-se utilizar folhas de papel e o quadro da sala de aula para simular a separação de tamanho das bandas por eletroforese. Finalizando a atividade, foram propostas questões para se discutir acerca dos procedimentos para construir e interpretar os perfis. A atividade pode ser aplicada em diversos níveis de profundidade em relação aos conceitos abordados. Fica a critério do professor decidir o nível apropriado para sua turma. A proposta foi pensada para um grupo de 20 estudantes e apresentada a 15 professores de Ciências do ensino médio de Nebraska – EUA. Os resultados obtidos a partir da avaliação dos professores indicaram que, apesar da formação diversificada dos professores, eles sentiram que poderiam aplicar a atividade confortavelmente sem necessidade de apoio, o que levou o autor afirmar que o perfil de DNA é simples de aprender e divertido de ensinar.

Para explorar a ludicidade de maneira mais efetiva, Sebastiany, Pizzato e Salgado (2015)

abordaram o tema ‘ciências forenses’ (conjunto de técnicas para desvendar um crime) com a simulação de uma cena de crime para ser observada e analisada pelos estudantes em uma intervenção intitulada ‘Detetive por um dia: aprendendo a investigar por meio da Ciência Forense’. A simulação foi realizada em um Ambiente Interativo de Aprendizagem (AIA), ou seja, um ambiente onde ocorre a interação entre os sujeitos e os materiais que o constituem. São ambientes planejados para oferecer situações-problema e recurso investigativo. Participaram dessa proposta doze estudantes do ensino médio de uma escola da Rede Estadual do Rio Grande do Sul, escolhidos intencionalmente de acordo com o interesse pelo tema forense. Foram construídos dois cenários físicos: a cena do crime”, com pistas para se resolver mistério, e o “Laboratório de Análises Forenses”, para fazer os experimentos e desvendar o crime. Para avaliar a proposta, foram utilizados um questionário inicial e um final e analisadas as respostas. O resultado indicou que a atividade proporcionou o desenvolvimento da autonomia e da postura investigativa. Quanto ao tema trabalhado, provocou um grande fascínio, percebido nos depoimentos dos estudantes.

Neves e Neves (2016) utilizaram um jogo de tabuleiro, com desenhos de seis cenas de crime diferentes e objetos para os estudantes analisarem. Foram realizadas atividades experimentais de biologia molecular indicadas pelo jogo e leitura de bandas de DNA, visando à aprendizagem de conceitos de Biologia, como, sangue, DNA, genes, DNA *fingerprinting*, eletroforese, além de práticas das ciências forenses. O estudo foi realizado com 47 estudantes do terceiro ano do ensino médio. Foi utilizado um questionário antes do jogo e outro, depois, com o intuito de mapear as dificuldades dos estudantes e o interesse pelo tema forense. O jogo foi considerado como uma atividade de ensino por investigação, porque contém características de um trabalho científico. Em relação ao tema, inferiu-se que a ciência forense motiva positivamente os estudantes aumentando o nível de interesse.

Bonney e Nicholas (2017) apresentaram uma proposta de ensino em que utilizaram um caso baseado em uma história real. Os estudantes deveriam examinar um diagrama da cena de um crime, discutir sobre a coleta de vestígios e fazer uma atividade prática de extração de DNA de gérmen de trigo para simular como seria a extração de DNA em amostras isoladas da cena do crime. Em um segundo momento, deveriam analisar perfis de DNA produzidos abordando STRs, PCR e eletroforese em gel a partir da amostra da cena do crime, visando identificar um entre cinco suspeitos. Essa foi uma proposta planejada para ser executada com materiais de baixo custo e sem a utilização de laboratório.

Degrandi *et al.* (2022) apresentaram um jogo que simula a análise de um crime para ensinar genética. Os autores não discutem sobre a viabilidade das técnicas utilizadas no jogo,

mas usam o contexto de investigação de um crime como proposta didática para ensinar conceitos de genética, como tipo sanguíneo, cariótipo humano, composição e sequenciamento do DNA.

Nos jogos apresentados, os estudantes interpretaram o papel de investigadores utilizando pistas do jogo com técnicas de biologia molecular e genética forense para identificar um criminoso. Em todos os estudos e propostas de ensino citados, os estudos buscaram alternativas para o ensino relacionando técnicas de DNA forense com materiais que proporcionassem aprendizagem e engajamento, de forma ajustável aos níveis de ensino, fácil de serem aplicados e de baixo custo.

3.5 ENSINO POR INVESTIGAÇÃO

O ensino por investigação visa inserir na aula questionamentos por meio dos quais os estudantes possam pensar, falar, ler e escrever, mostrando autoria e clareza das ideias expostas. Em outras palavras, aproxima-os das práticas da ciência, ao propor uma questão-problema que os estimule a se engajarem para resolver o problema, elaborar hipóteses, registrar os resultados, discutir sobre eles, consolidá-los de forma escrita e elaborar conclusões (TRIVELATO; TONIDANDEL, 2015; CARVALHO, 2018).

O problema inicial é o cerne da abordagem, porque, a partir dele, outras etapas são desencadeadas. Segundo Clement, Custódio e Alves Filho (2015), a situação-problema deve ser adequada para os estudantes, no que se refere ao nível de desafio e de curiosidade, com uma situação desafiadora que seja considerada possível para elaborar hipóteses lógicas e não ser vista como inatingível ou simplória, mas ao ponto que valha a pena a busca. Nesse sentido, é importante que se dê atenção e se busquem níveis ótimos de desafio, curiosidade, controle e imaginação, de acordo com o grau de escolarização. Isso quer dizer que o professor precisa conhecer a turma para lançar uma situação-problema adequada.

Os recursos utilizados para abordar o ensino por investigação são diversos. Pode ser desde a leitura de um texto até uma Sequência Didática Investigativa (SEI), que é um encadeamento de aulas e atividades em que se pode investigar um problema e trabalhar um tema e outras dimensões relacionadas, como conceitos e questões sociais (SASSERON, 2015). Porém, independentemente do recurso didático, uma atividade é considerada investigativa quando o problema não tem uma resposta imediata, e o estudante precisa pensar em o que deve fazer para solucioná-lo. Assim, as propostas investigativas têm potencial para construir e reconstruir o pensamento e elaborar mentalmente as repostas lógicas que podem ser

confirmadas ou refutadas a partir do confronto com informações seguras (CARVALHO, 2018; SANTOS; GALEMBECK, 2018). As hipóteses formuladas dizem muito sobre os conhecimentos prévios. Elas indicam os pontos que o estudante domina, se a resposta tem respaldo na ciência ou se são suposições. De todo modo, ambas as formulações podem coexistir e auxiliar o processo de aprendizagem em uma investigação (PEDASTE *et al.*, 2015; CARVALHO, 2018).

A curiosidade diante do desafio lançado leva à fase de busca por respostas que pode ser por meio de uma pesquisa bibliográfica ou de experimentos, com momentos para analisar os dados que darão sentido às informações coletadas, às discussões e à apresentação do conhecimento construído. Dessa maneira, podem-se explorar não somente os conceitos científicos, mas também atitudes práticas que se assemelham às da própria ciência (SASSERON, 2015; TRIVELATO; TONIDANDEL, 2015).

Quanto à estrutura de uma atividade investigativa, Pedaste *et al.* (2015) revisaram 32 artigos, visando identificar características em comum a fim de produzir um modelo sintetizado para uma aprendizagem eficaz baseada em ensino por investigação. Embora as atividades investigativas apresentem fases com nomenclaturas distintas e em sequências diferentes, elas podem ser sintetizadas em cinco fases gerais: orientação, conceituação, investigação, conclusão e discussão. As fases indicadas na proposta são diferentes estágios no processo de ensino-aprendizagem, um guia para os professores. Os estudantes são favorecidos com o entendimento claro acerca da metodologia, pois são orientados sobre o que se espera deles em cada fase e têm mais liberdade enquanto o professor os orienta em cada fase.

Carvalho (2018) faz uma categorização de graus de liberdade para atividades experimentais em atividades investigativas, indicando etapas da atividade e quem define cada ação, professor e/ou estudante. Cinco graus foram definidos, do grau 1, o mais diretivo, ao grau 5, o mais aberto, indicando que somente as ações desenvolvidas não bastam para considerar uma atividade investigativa, porquanto também se deve atentar para a liberdade que é dada ao estudante para praticar essas ações. Para que uma atividade seja considerada investigativa, deve estar caracterizada com grau de liberdade 3 em diante. O nível 3, para estudantes que não costumam vivenciar a liberdade da abordagem investigativa; o nível 4, para os mais maduros e habituados a esse tipo de atividade; e o nível 5, de maior abertura, muito difícil de encontrar no ensino básico brasileiro, visto raramente em algumas feiras de Ciências.

O ensino por investigação está contemplado na Base Nacional Curricular Comum (BNCC), na competência 3, específica para as Ciências da Natureza:

Analisar situações-problema e avaliar aplicações do conhecimento científico e tecnológico e suas implicações no mundo, utilizando procedimentos e linguagens próprios das Ciências da Natureza, para propor soluções que considerem demandas locais, regionais e/ou globais, e comunicar suas descobertas e conclusões a públicos variados, em diversos contextos e por meio de diferentes mídias e tecnologias digitais de informação e comunicação (TDIC). (BRASIL, 2018. p. 544).

Consta, ainda, na BNCC, que existem conhecimentos que têm relação com o desenvolvimento dessa competência, dentre eles, o tema ‘DNA’ e que se deve investigar como os avanços científicos e tecnológicos nessa área têm sido aplicados, levando em consideração os debates associados a dilemas éticos da sociedade.

No ensino por investigação, também é importante adotar a teoria sociointeracionista criada por Vygotsky como aporte teórico. Para Vygotsky, a construção do aprendizado depende das interações sociais do indivíduo, pois o desenvolvimento tem um pouco das trocas do indivíduo na sociedade (VYGOTSKY, 1991).

A partir da análise das relações reais entre o desenvolvimento e a capacidade de aprender da criança, Vygotsky elaborou dois níveis de desenvolvimento: o desenvolvimento real e o desenvolvimento proximal. Chamou de Zona de Desenvolvimento Real o estágio da aprendizagem completa, o que os testes detectam como algo que a criança consegue realizar sem auxílio de um professor ou de interação com outros colegas. Para esse autor, deve-se levar em consideração o que a criança pode resolver, mas ainda precisa de suporte. Um exemplo disso é quando a criança precisa de pistas para resolver um problema ou do início da solução para completá-la, ou seja, processos que ainda estão amadurecendo. Essa zona entre o potencial para aprender e a zona de desenvolvimento real foi denominada de zona de desenvolvimento proximal (VYGOTSKY, 1991).

Fica evidente que o professor tem um papel importante ao propor situações- problemas, direcionar a aprendizagem e saber que, a partir desse conceito, “a zona de desenvolvimento proximal hoje será o nível de desenvolvimento real amanhã - ou seja, aquilo que uma criança pode fazer com assistência hoje ela será capaz de fazer sozinha amanhã” (VYGOTSKY, 1991, p. 57).

4 METODOLOGIA

4.1 DESENHO DA PESQUISA

Sob o ponto de vista da metodologia, esta pesquisa foi majoritariamente qualitativa, pois se preocupou em analisar os processos, os fenômenos e os significados. Esse aspecto não é contemplado por equações (MINAYO, 2001) e atende às complexidades da pesquisa em educação.

O estudo objetivou analisar os dados coletados ao longo da intervenção de forma descritivo-explicativa. A pesquisa participante é coerente, visto que, na pesquisa em sala de aula, a professora atua ora como mediadora ora como pesquisadora, ou seja, desenvolvendo os dois papéis entrelaçados numa busca pelos resultados da pesquisa e melhorias na prática docente (FRANCO, 2005; FELCHER; FERREIRA; FOLMER, 2017).

4.2 O CONTEXTO ESCOLAR E OS PARTICIPANTES DA PESQUISA

A pesquisa foi realizada na Escola de Referência em Ensino Médio Alberto Augusto de Moraes Pradines, localizada no Bairro do Pilar, na Ilha de Itamaracá/PE.

No período em que esta proposta foi aplicada – outubro do ano 2021 – a escola ofertava aulas on-line e presenciais, uma excepcionalidade, devido às imposições das medidas de segurança da pandemia da covid-19. O estudante poderia optar por uma das modalidades ou ambas. Assim sendo, nas aulas presenciais, o quantitativo de estudantes foi reduzido. Havia dias específicos na semana para as aulas presenciais de cada série, visando atender ao protocolo setorial para atividades em instituições de ensino estaduais no momento pandêmico (PERNAMBUCO, 2020).

Dez estudantes do terceiro ano do ensino médio, com idades de 17 anos, oriundos de três diferentes turmas, participaram voluntariamente da pesquisa, na modalidade presencial, com acesso a materiais em sala de aula virtual *Google*. Com o intuito de preservar a identidade dos participantes, a cada um deles foi atribuído um código de E1 a E10. Eles participaram das atividades da intervenção, em horário diferente das aulas de suas respectivas turmas, com dias e horários previamente acordados. A escolha dessa série deveu-se ao fato de o conteúdo abordado (Genética) ser trabalhado nesse ano letivo e por serem turmas em que a mestrandia leciona.

4.3 ASPECTOS ÉTICOS

Em cumprimento às exigências legais, este trabalho foi submetido ao Comitê de Ética da Universidade Federal de Pernambuco, obedecendo aos preceitos éticos da Resolução 466/12

do Conselho Nacional de Saúde, aprovado em 03/09/2021 com CAAE: 46864121.7.0000.5208 e parecer 4.954.531 (Anexo A).

4.4 ELABORAÇÃO DA SEQUÊNCIA DIDÁTICA

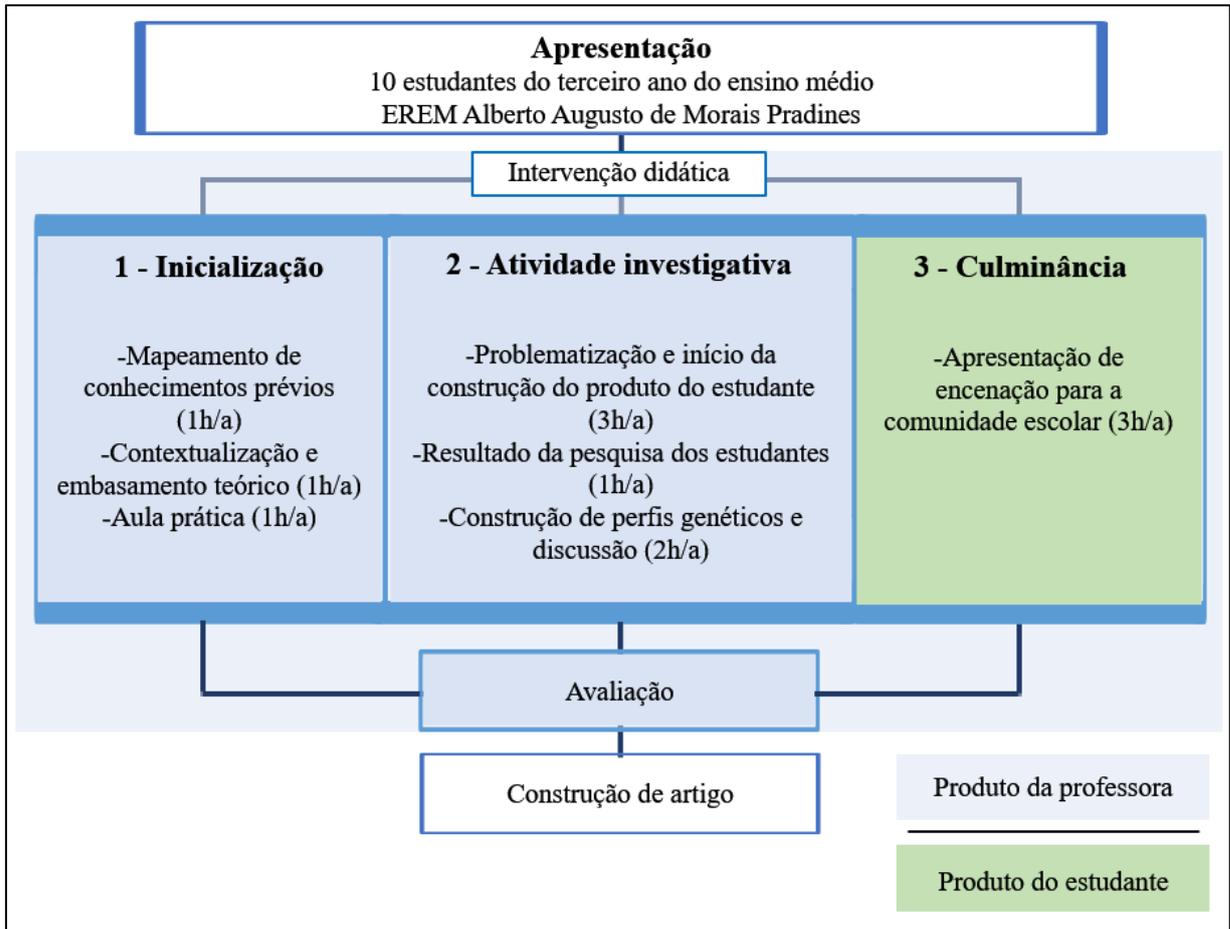
A Sequência Didática Investigativa ‘DNA Forense’ foi elaborada com base em publicações que utilizaram o DNA *fingerprinting* para o ensino (WALLACE-MÜLLER, 2011; CHRISTENSEN, 2013; BONNEY; NICHOLAS, 2017) e uma cena de crime fictício (SEBASTIANY; PIZZATO; SALGADO, 2015). Para contextualizar o tema, foi utilizada uma notícia veiculada na mídia de um caso já solucionado que ocorreu no Brasil - o caso Israel (VALENTE, 2018). Essa SEI contemplou 12 horas/aulas de cinquenta minutos, divididas em três etapas. A última foi a da apresentação do produto dos estudantes, que foi planejado e executado de maneira integrada ao estudo de Mestrado da professora.

4.5 DINÂMICA DA PESQUISA

Para compreender bem mais os procedimentos, a ordem das etapas e os produtos gerados pelos participantes da pesquisa estão dispostos no fluxograma a seguir (Figura 4). Logo após, apresenta-se o detalhamento das etapas.

A proposta foi apresentada às turmas do terceiro ano em aulas presenciais. Foram identificados os estudantes interessados, informados os objetivos, os procedimentos, os riscos e os benefícios e acordados os dias e o período de tempo para a execução da Sequência Didática.

Figura 4 – Fluxograma da dinâmica da pesquisa sobre as atividades da intervenção didática e o tempo para a execução em horas/aula de cinquenta minutos



Fonte: A autora (2022).

Com a lista de interessados em mãos, os responsáveis legais por esses estudantes foram contatados e orientados para assinar o Termo de Consentimento Livre e Esclarecido (TCLE). Já os Termos de Assentimento Livre e Esclarecido (TALE) foram assinados pelos estudantes e seus responsáveis.

4.5.1 Inicialização

4.5.1.1 Concepções prévias dos estudantes

Os conhecimentos prévios foram mapeados partindo de um questionário com cinco questões objetivas de testes aplicados em vestibulares de Instituições de Ensino Superior Brasileiras e do Exame Nacional do Ensino Médio (ENEM) para o diagnóstico de aprendizagem (Apêndice A, p.65).

4.5.1.2 Contextualização e embasamento teórico

A aula expositiva dialogada foi ministrada com projeção de slides em quadro branco (Figura 5). Para contextualizá-la, foi mencionado um caso de grande repercussão na mídia, o caso Israel, um jovem brasileiro condenado por engano e absolvido pelo Supremo Tribunal Federal (STF), dez anos depois de ter sido preso, inocentado pelo DNA (VALENTE, 2018). O fato exposto através de notícias veiculadas na mídia provocou uma discussão sobre a prova testemunhal e a contribuição da ciência, em especial, a genética, para identificar, com precisão, culpados e absolver inocentes. Assim, foi possível demonstrar a importância do estudo da genética quando ela é relacionada a situações que alcançam a realidade do aluno e leva o conhecimento para fora da sala de aula.

Figura 5 – Alguns slides apresentados nas aulas expositivas dialogadas



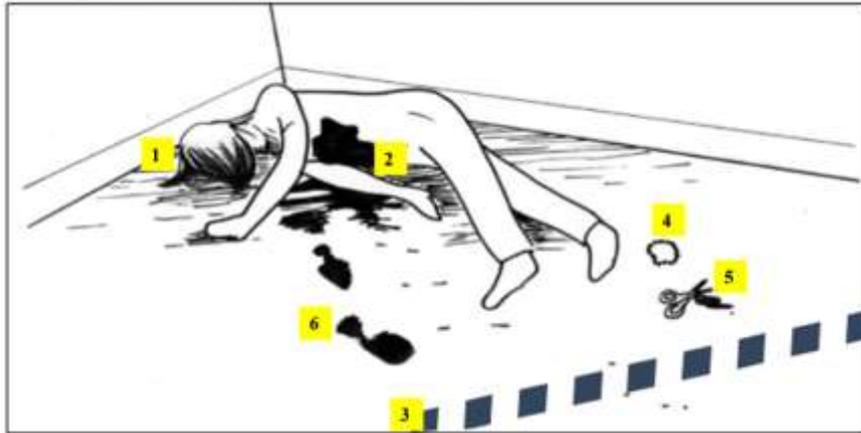
Fonte: A autora (2022).

Dando continuidade à aula expositiva dialogada, foram trabalhados temas como localização do DNA na célula, cromossomos, estrutura do DNA, diferença entre DNA e RNA, replicação do DNA, genética mendeliana e meiose e DNA mitocondrial, com utilização de imagens para auxiliar a compreensão. Os temas de genética mendeliana e meiose haviam sido trabalhados em uma unidade anterior, de forma remota, mas os estudantes participantes da pesquisa não tiveram acesso a todas as aulas. Os temas restantes foram trabalhados de forma mais elementar, em relação ao que foi trabalhado nessa sequência didática, por ter sido em série anterior. Com base no resultado do pré-teste e no diálogo no momento da aula, os temas que precisavam ser revistos ou vistos pela primeira vez por esses estudantes foram identificados. A aula ministrada visou preencher lacunas deixadas pelas dificuldades dos estudantes de terem acesso ao ensino remoto, preparando-os para as próximas atividades.

4.5.1.3 Aula prática

Depois da aula teórica, veio a aula prática. Na própria sala de aula, uma cena de crime foi construída pela professora, utilizando um boneco (vítima), ketchup (sangue), fita zebraada para isolar a área, uma pulseira (bijuteria), tesoura (arma do crime), marcas de pegadas e manchas utilizando o ketchup (Figura 6).

Figura 6 – Esquema da cena do crime criada em sala de aula



Fonte: A autora (2022).

Legenda: (1) Boneca; (2) simulação de sangue com ketchup; (3) fita zebraada isolando a área; (4) bijuteria; (5) tesoura; e, (6) pegadas feitas com o sangue falso

Diante do desafio, os estudantes foram instigados a pensar sobre como analisariam a cena para desvendar o crime. Assim, discutiram sobre como isolar a área e como e quais vestígios deveriam ser coletados para identificar o autor do delito. Ao adotar essa prática, a professora não teve a intenção de fazer os estudantes solucionarem o crime, mas de motivá-los a adotar uma postura investigativa e mostrar como poderiam criar a cena do crime na culminância da SEI. A etapa de inicialização ocorreu em três aulas seguidas de 50 minutos cada.

4.5.2 Atividade investigativa

4.5.2.1 Problematização e início da construção do produto

Os estudantes foram divididos em três grupos. Cada um recebeu um material de apoio (Apêndice B, p. 68), contendo um desenho com um crime fictício, depoimentos de testemunhas e suspeitos. Nesse material, encontrava-se a pergunta norteadora da atividade investigativa: “Como identificar o autor do delito por meio do DNA?”. A partir dessa problematização, os grupos discutiram e escreveram suas hipóteses, que deveriam ser confirmadas ou descartadas com uma pesquisa para ser entregue e discutida em um encontro posterior.

Finalizando essa atividade, ainda com base no mesmo material, os grupos iniciaram os planos para construir o produto final, que foi a apresentação para a comunidade escolar da cena de crime fictício com encenação criada por eles. Foi permitido aos alunos utilizarem a história do material, adaptá-la ou criar uma nova história para produzir a cena, desde que houvesse estes elementos: depoimentos, suspeitos, vítima, arma do crime e vestígios com material biológico para identificação por meio do DNA. Como os estudantes iriam atuar como peritos, foram orientados para apresentar uma cena pronta para ser analisada e demonstrar o procedimento utilizado para identificar quem o DNA revela ter estado na cena do crime.

Os estudantes criaram uma história de um crime com base no material disponibilizado pela professora, definiram os personagens (testemunhas, vítima, peritos de cena e de laboratório), a arma do crime (uma garrafa quebrada com sangue da vítima na extremidade da garrafa e DNA do algoz no gargalo), outros vestígios (celular do algoz com impressão digital – DNA de toque), motivação do crime e roteiro sobre como fazer a investigação. Indicaram três suspeitos, todos com descrição física compatível com o algoz e motivação para cometer o crime.

A professora escolheu secretamente um dos três para ser o culpado, mas os estudantes só o identificaram depois que os perfis genéticos foram construídos em uma etapa posterior. Eles ensaiaram a encenação, ou seja, o passo a passo sobre como chegar, isolar, fotografar, coletar vestígios na cena do crime, como transportar os vestígios para o Instituto de Genética, a distância entre a cena do crime e os espectadores e como deveriam informar aos expectadores o que estava acontecendo, entre outros detalhes. Enquanto ensaiavam, faziam ajustes nas falas dos personagens e definiam os materiais necessários para produzir um cenário que seria apresentado à comunidade escolar.

Para a pesquisa que seria feita em casa, foram disponibilizados materiais com orientações, como textos e vídeos em sala de aula virtual na plataforma *Google*. A professora acompanhou as pesquisas tanto por meio da sala de aula virtual quando do grupo de *WhatsApp*. O intervalo estipulado para realizar essa atividade foi de sete dias, o que foi importante também para a professora, visto que necessitou organizar os materiais para construir os perfis genéticos para o encontro seguinte. Esse primeiro momento da etapa investigativa durou três horas/aulas seguidas de 50 minutos.

4.5.2.2 Resultado da pesquisa dos estudantes

Nesse momento da Sequência Didática, foram analisados os resultados das pesquisas de cada grupo, identificadas as dificuldades encontradas, esclarecidos os pontos que não foram compreendidos, e os alunos tiveram a oportunidade de expressar pontos que consideraram interessantes, entre outras questões e curiosidades. Com o objetivo de reforçar o que aprenderam, de dirimir dúvidas e de preencher lacunas sobre o entendimento, foi realizada uma apresentação de slides com imagens abordando temas como DNA *fingerprinting*, extração de DNA, Reação em Cadeia da Polimerase (PCR), eletroforese e STRs.

4.5.2.3 Construção de perfis genéticos e discussão

O número de perfis foi determinado pelos estudantes no planejamento da cena do crime deles, de acordo com a quantidade de suspeitos e dos vestígios que seriam coletados do crime fictício. Tomando como base essas informações, a professora produziu previamente os instrumentais para essa prática, a saber: representação esquemática de sequências nucleotídicas em cromossomos (Apêndice C, p. 70) e simulação de eletroforese (Apêndice D, pág. 76). Para construir esses instrumentais, foram observados os treze *loci* e suas respectivas sequências nucleotídicas, que são utilizados pela comunidade de genética forense para identificação humana. No entanto, com fins didáticos, só foram selecionados quatro para essa atividade (DIAS FILHO *et al.*, 2020). Ao todo, foram produzidos materiais para 12 perfis, sintetizados no quadro 1. Os estudantes não tiveram acesso a esse quadro, porque não podiam saber quem seria o culpado até construir o perfil para identificar o autor do delito.

Os grupos receberam um envelope com o material da atividade para produzir o perfil. Em cada um desses envelopes, havia folhas de papel ofício, com sequências nucleotídicas em representações de pares dos cromossomos cinco, oito, treze e dezoito e a identificação dos respectivos *loci* e cor, com a intenção de simular um marcador e a separação, por tamanho, dos fragmentos de DNA em eletroforese capilar.

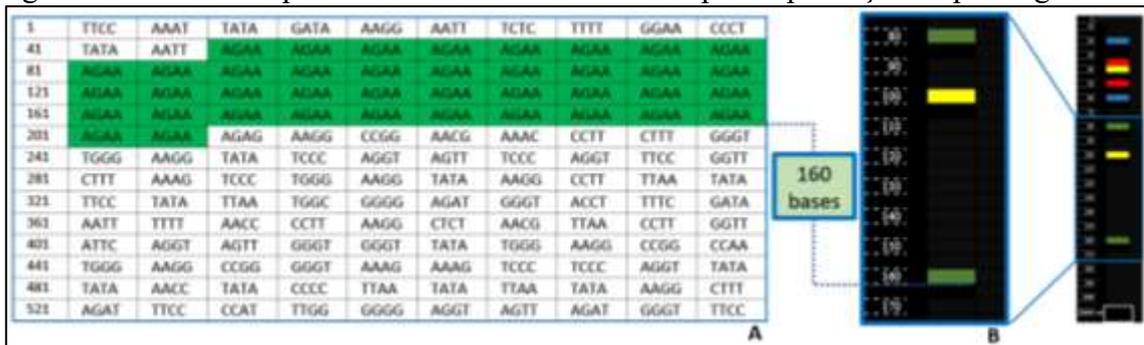
Os estudantes analisaram as sequências nas representações de cromossomos, marcaram as repetidas com as cores indicadas para cada uma delas, determinaram o número de bases marcadas e inseriram bandas coloridas no local correspondente ao número de bases na simulação de eletroforese capilar (Figura 7).

Quadro 1 – Simulação de alelos com respectivas sequências e cores para a construção de perfis genéticos

Cromossomo	Loci	Sequências	Cores	Perfis: repetições nas versões de alelos											
				1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
				Garrafa (Extremidade quebrada)	Garrafa (Gargalo)	Vítima	Celular	Suspeito 1	Suspeito 2	Suspeito 3 (Foragido)	Ex-esposa (Suspeito3)	Filho 1 (Suspeito3)	Filho 2 (Suspeito3)	Filho 3 (Suspeito3)	Filho 4 (Suspeito3)
5	D5S818	AGAT	Amarelo	10	18	10	18	4	18	11	11	11	11	11	11
				25	4	25	4	10	4	12	11	12	11	12	12
8	D8S1179	TCTG	Vermelho	8	7	8	7	14	7	11	14	11	11	14	14
				14	12	14	12	11	12	16	14	14	14	16	16
13	D13S317	TATC	Azul	5	8	5	8	5	8	12	11	12	11	11	12
				15	8	15	8	12	8	12	13	13	12	12	13
18	D18S51	AGAA	Verde	40	35	40	35	13	35	13	15	13	15	16	13
				20	30	20	30	19	30	16	19	15	16	19	19

Fonte: A autora (2022).

Figura 7 – Modelo de preenchimento de instrumentais para a produção de perfis genéticos



Fonte: A autora (2022).

Legenda: (A) Sequências de nucleotídeos com 40 repetições “AGAA” marcadas em verde, na representação de uma das versões do cromossomo 18; (B) Simulação de separação de fragmentos de DNA em eletroforese capilar, destacando uma banda preenchida em verde com o número correspondente de bases - 160 - encontradas no instrumental A.

Depois de construir os perfis, os estudantes descobriram que um suspeito estava ausente (foragido) e reconstruíram seu perfil a partir dos da ex-esposa e dos filhos.

Os três grupos de estudantes se reuniram e preencheram as lacunas de um quadro com o número de repetições das sequências dos marcadores da ex-esposa (mãe) e dos filhos lado a lado, o que facilitou a comparação entre os perfis. Buscaram os alelos que os filhos herdaram da mãe e o que restou foram os que pertenciam ao pai, ou seja, o suspeito 3 (Quadro 2).

Os perfis da amostra questionada encontrada na cena do crime (gargalo da garrafa e celular) foram comparadas com os dos suspeitos, da vítima e dos familiares, a fim de saber se havia correspondência e apontar o autor do crime.

Quadro 2 – Número de repetições de alelos encontrados na mãe, nos filhos e de alelos esperados na reconstrução do perfil do pai, o suspeito 3 (Foragido)

Loci	Ex-esposa	Filho 1	Filho 2	Filho 3	Filho 4	Suspeito 3
D5S818	11,11	11,12	11,11	11,12	11,12	11,12
D8S1179	14,14	11,14	11,14	14,16	14,16	11,16
D13S317	11,13	12,13	11,12	12,13	12,13	12,12
D18S51	15,19	13,15	15,16	13,19	13,19	13,16

Fonte: A autora (2022).

Depois de identificar o perpetrador, foi reservado um momento para discussão com o propósito de interpretar os resultados e relacionar a atividade com os temas básicos de genética mendeliana e molecular implícitos. Por exemplo, para reconstruir o perfil genético de um suspeito a partir do perfil de familiares, é imprescindível entender a genética mendeliana básica e para entender a PCR, é necessário saber como o DNA se replica. Esse momento da etapa investigativa durou três horas/aula seguidas de 50 minutos.

4.5.3 Culminância

4.5.3.1 Produto do estudante

Nessa etapa, foi disponibilizado um tempo de três aulas de 50 minutos cada, para construir um cenário com a cena do crime e um Instituto de Genética, vestir os figurinos e ensaiar a cena. Por fim, os estudantes receberam o distintivo – modelo confeccionado com EVA (Acetato de Vinila) – simbolizando que estavam prontos para atuar como peritos. Eles apresentaram os resultados da atividade executada para a comunidade escolar com uma encenação de 10 minutos.

4.5.4 Avaliação

A fim de levantar os conhecimentos prévios que demonstraram o ponto de partida para o desenvolvimento das atividades, foi aplicado um questionário pré-teste com questões objetivas (Apêndice A, p. 65). Para acompanhar as atividades, foi utilizada uma rubrica com critérios pré-definidos em nível relacional e cognitivo, para avaliar o desempenho dos estudantes em cada etapa da aplicação da Sequência Didática (STEVENS; LEVI, 2005), e o

diário de bordo. É um caderno em que cada grupo anotou pontos que chamaram a atenção, hipóteses, pesquisas e relatório no final de cada encontro.

Finalmente, foi aplicado um questionário pós-teste (Apêndice A) com questões para assinalar as afirmações verdadeiras ou falsas, a fim de verificar os conceitos apreendidos após a Sequência Didática. Os questionários aplicados foram utilizados como instrumentos de avaliação individual dos estudantes, em que foram verificados os conceitos compreendidos antes e depois das atividades. Já os diários de bordo foram utilizados como instrumentos de avaliação em grupo e ao longo do processo.

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

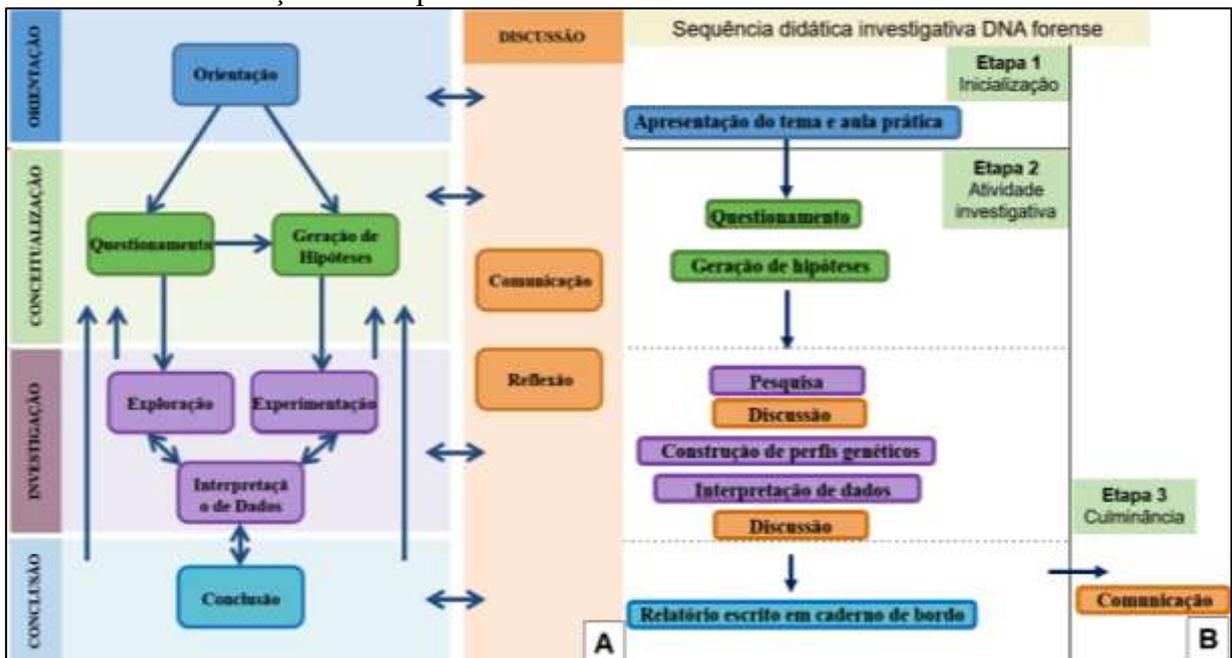
A análise dos dados e sua discussão foram divididas em subseções: a análise da SEI,

que tem como objetivo discutir sobre a proposta da Sequência Didática descrita na metodologia; e considerações sobre a SEI, em que são sugeridos ajustes para replicar em outras escolas com contexto diferente em que a SEI foi vivenciada. O resultado dos dados coletados são apresentados em capítulo à parte, em formato de artigo de relato de experiência.

5.1 ANÁLISE DA SEQUÊNCIA DIDÁTICA INVESTIGATIVA

O produto desta dissertação, a Sequência Didática, passou por três etapas: a de elaboração, a de aplicação e a de revisão. A SEI foi elaborada devido às dificuldades encontradas na aprendizagem de genética pelos estudantes e em referenciais teóricos e visando analisar sua pertinência e viabilidade, no que diz respeito à educação básica. Por fim, foi revisada com sugestões de ajustes para ser replicada em outras escolas. Quanto à estrutura, a SEI “DNA forense” segue o parâmetro de uma atividade investigativa abordada por Pedaste *et al.* (2015). Apresenta cinco fases gerais dispostas na figura 8.

Figura 8 – Comparativo de fluxogramas de estruturas de atividades investigativas com as ações correspondentes indicadas com as mesmas cores



Fonte: Adaptado de Pedaste *et al.* (2015)

Legenda: (A) Estrutura de atividades investigativas divididas em cinco etapas gerais (orientação, conceituação, investigação, conclusão e discussão); (B) Sequência didática “DNA forense” com etapas e ações correspondentes ao fluxograma “A”

A primeira etapa, a inicialização, é a fase de orientação de Pedaste *et al.* (2015, p. 56): “A orientação se concentra em estimular o interesse e a curiosidade em relação ao problema em

questão”. Na fase de inicialização, foi apresentado o tema forense com um caso de grande repercussão na mídia, o caso Israel (VALENTE, 2018), que gerou reflexão por se tratar de um jovem preso injustamente. Esse tema gerou um diálogo acerca da ferramenta responsável por inocentá-lo, o DNA. Logo depois, foi apresentada uma cena de crime fictícia, não para solucionar o crime, mas para motivar e proporcionar uma postura investigativa, que foi evidenciada quando os estudantes formularam perguntas e hipóteses diante da cena do crime, algumas condizentes com as indagações do chamado **Heptâmero de Quintiliano**: Quem? Que coisa? Onde? Quando? De que maneira? Por quê? Com que auxílio? (BARBOSA, 2010). “Quem?” foi a pergunta mais esperada, porque e ela que o DNA tem potencial de responder e por estar totalmente alinhada ao tema da SEI.

A atividade investigativa, na etapa 2, contempla a fase de conceituação, momento em que é lançada a questão de pesquisa (Como identificar o autor do delito por meio do DNA?) e são elaboradas as hipóteses. O segundo momento da etapa 2 corresponde à fase de investigação (ver figura 6), quando os estudantes fizeram a pesquisa e houve a exploração, seguida da interpretação do resultado e da discussão. A experimentação também foi explorada com a produção de perfis de DNA pelos estudantes, seguida das ações denominadas de interpretação de dados e discussão entre estudante-estudante e estudante-professora. A fase de conclusão se deu quando os estudantes fizeram relatório em seus diários de bordo.

A etapa 3, a da culminância, pode ser incluída na fase de discussão, pois se trata da apresentação dos resultados à comunidade escolar e pode ser enquadrada como comunicação (ver figura 8).

No que se refere à autonomia dada aos estudantes para fazerem as atividades, buscou-se adequar ao nível de maturidade deles, tendo em vista que estavam habituados ao ensino diretivo, e não, à liberdade do ensino investigativo. Observando a categorização em cinco graus de liberdade desenvolvida por Carvalho (2018), a SEI DNA forense foi caracterizada com grau de liberdade 3 (Quadro 3).

Quadro 3 – Graus de liberdade para atividades práticas com a caracterização da SEI DNA forense em destaque e as ações realizadas pelo (P) professor e/ou (A) aluno

	Grau 1	Grau 2	Grau 3	Grau 4	Grau 5
Problema	P	P	P	P	A
Hipóteses	P	P/A	P/A	A	A
Plano de trabalho	P	P/A	A/P	A	A
Obtenção de dados	A	A	A	A	A
Conclusões	P	A/P/Classe	A/P/Classe	A/P/Classe	A/P/Classe

Fonte: Adaptado de Carvalho (2018)

O problema foi lançado pela professora, enquanto as hipóteses foram elaboradas pelos estudantes sem a sua intervenção. O plano de trabalho foi organizado pelos estudantes e pela professora. Os estudantes planejaram a cena do crime, criaram a história, definiram os materiais e o roteiro da encenação, porém necessitaram de suporte para direcionar o planejamento (material de apoio – Apêndice B) e os materiais de pesquisa para responder a questão-problema. Em uma sala de aula virtual *Google*, foram disponibilizadas orientações para a pesquisa; os slides para serem utilizados na aula expositiva dialogada, texto com o primeiro caso elucidado com DNA *fingerprinting*, notícia sobre o caso Israel e vídeos curtos do *YouTube* acerca da técnica de DNA *fingerprinting* e identificação humana.

Os diversos tipos de materiais disponibilizados pela professora foram utilizados para auxiliar os estudantes a obterem os dados e selecionados com níveis de complexidade diferentes para que eles pesquisassem e escolhessem o mais adequado para o seu nível de entendimento, com o intuito de responder a questão-problema. Clement, Custódio e Alves Filho (2015) afirmam que, no ensino por investigação, é importante diversificar os recursos para envolver os estudantes na atividade e lhes dar várias alternativas para a tomada de decisão em busca da solução do problema.

A etapa “conclusões” ocorreu com a interação dos estudantes com a professora, que discutiram sobre os dados e a escrita em diário de bordo. Carvalho (2018) assevera que, para que uma atividade seja considerada investigativa, deve estar caracterizada com grau de liberdade 3 em diante. Esse um nível é adequado para esses estudantes, porque eles não estavam acostumados a vivenciar a liberdade da abordagem investigativa.

Outro aspecto importante em relação à SEI, foram as atividades que propiciaram interações em grupos, que potencializam a aprendizagem, o que vai ao encontro do que preconiza a teoria sociointeracionista de Vygotsky (1991). Para Clement, Custódio e Alves Filho (2015), as atividades em grupo são importantes para a construção do conhecimento, porquanto possibilitam a cooperação, a troca de informações e a divisão de tarefas para se chegar a um fim comum, dando significado ao estabelecimento e ao fortalecimento de vínculos.

Nesse sentido, os estudantes foram avaliados como grupo por meio de observações diretas em cada uma das etapas. Os critérios foram predefinidos para analisar as interações em dois níveis: o relacional e o cognitivo. Em relação ao nível relacional, observou-se o senso de trabalho em equipe e a participação nas atividades, e ao nível cognitivo, o comprometimento com a aprendizagem e curiosidade. Os critérios para acompanhar as interações dos estudantes, durante o desenvolvimento das atividades, estão dispostos no quadro 4.

Quadro 4 – Rubrica para acompanhamento de desempenho dos estudantes, por grupo, ao longo da sequência didática

Rubrica para acompanhamento de desempenho por etapa da Sequência Didática					
	Critérios	Excelente	Bom	Regular	Insatisfatório
Relacional	Senso de trabalho em equipe	Tem papel ativo no bom relacionamento com colegas de equipe.	Aceita as opiniões dos outros integrantes da equipe.	Aceita, com dificuldade, as decisões em equipe.	Não participa das atividades em equipe ou não aceita democraticamente as decisões da equipe.
	Participação	Participa e colabora com ideias originais e criativas das diversas situações apresentadas na sequência didática.	Contribui com ideias e se envolve nas diversas situações apresentadas.	Participa das diversas situações, mas não contribui com ideias.	Não participa das diversas situações apresentadas na sequência didática.
Cognitivo	Comprometimento com a aprendizagem	Está atento às aulas e cumpre todas as atividades com esmero e autonomia.	Está atento às aulas e cumpre as atividades com necessidade de intervenções.	Não está atento em todas as aulas e cumpriu parte das atividades.	Não está atento às aulas nem cumpre as atividades.
	Curiosidade	Expressa curiosidade, questiona e busca novos conhecimentos com autonomia a partir do que é vivenciado na aula.	Expressa curiosidade, questiona e busca novos conhecimentos com a necessidade de acompanhamento.	Expressa curiosidade e questiona no decorrer das aulas e das atividades.	Não expressa curiosidade nem busca novos conhecimentos a partir do que é vivenciado na aula.

Fonte: A autora (2022).

Observou-se que, na etapa 2, não houve registro de desempenho regular ou insatisfatório em nenhum dos grupos (Quadro 5). Essa foi a etapa denominada de investigativa. Ao finalizá-la, os estudantes fizeram menção à aula prática realizada, o que sugere que esse desempenho considerado excelente, especialmente no critério participação, deve-se à aula prática (construção de perfis genéticos). Sebastiany, Pizzato e Salgado (2015) afirmaram que as atividades práticas despertam bastante interesse nos estudantes, porque eles têm pouco ou nenhum acesso devido às condições de infraestrutura nas escolas.

Quadro 5 – Comparativo do desempenho dos estudantes entre as etapas da Sequência Didática por grupo

		Critérios		Grupo A	Grupo B	Grupo C
		Relacional	Cognitivo			
Etapas da intervenção	1	Relacional	Senso de trabalho em equipe	Excelente	Excelente	Excelente
			Participação	Excelente	Excelente	Excelente
		Cognitivo	Comprometimento com a aprendizagem	Excelente	Excelente	Bom
			Curiosidade	Excelente	Excelente	Regular
	2	Relacional	Senso de trabalho em equipe	Bom	Excelente	Bom
			Participação	Excelente	Excelente	Excelente
		Cognitivo	Comprometimento com a aprendizagem	Bom	Excelente	Bom
			Curiosidade	Bom	Excelente	Bom
	3	Relacional	Senso de trabalho em equipe	Excelente	Excelente	Excelente
			Participação	Excelente	Excelente	Excelente
		Cognitivo	Comprometimento com a aprendizagem	Bom	Excelente	Regular
			Curiosidade	Bom	Excelente	Regular

Fonte: A autora (2022).

Representando as observações, seguem alguns comentários dos estudantes acerca da aula prática: “A parte teórica é importante e necessária, mas a parte prática não tem

comparação” (Diário de bordo – Grupo B); “Eu tinha muita dificuldade, como eu tinha dito pra senhora, e aqui tava bem mais fácil, acho que por ter mais prática”; “Como a gente botou em prática, ficou mais fácil da gente compreender” (Falas gravadas – Grupo B); “As partes mais legais (interessantes) são as práticas. É quando percebemos que estamos aprendendo com o projeto, a prática é a hora em que vemos acontecer” (Diário de bordo – Grupo C).

Vale salientar que essa prática teve o intuito de consolidar os conhecimentos teóricos. Por meio dela, o criminoso da história criada pelos estudantes foi identificado, ou seja, foi revelado o mistério que eles buscavam desvendar.

5.2 CONSIDERAÇÕES SOBRE A SEQUÊNCIA DIDÁTICA INVESTIGATIVA

Todas as etapas do processo de desenvolvimento da SEI realizada neste estudo foram vivenciadas pelos estudantes participantes sob a orientação da professora no âmbito escolar. A professora, autora do presente estudo, revisou essa SEI, com o intuito de torná-la mais adequada às necessidades da educação básica.

Com base na vivência da SEI, foram feitas algumas observações de ordem prática e dadas sugestões de ajustes para que seja aplicável à realidade de outras escolas. Caso o docente deseje aplicá-la em sua sala de aula, deve verificar o número de estudantes por turma, especialmente, o tempo disponível para trabalhar as atividades.

Essa SEI foi planejada para dez estudantes como uma turma extra, com horário diferente das aulas regulares, para evitar que o número de doze horas/aulas interferisse no andamento dos conteúdos previstos no currículo para as turmas de terceiro ano às quais os estudantes pertenciam. Nos casos em que o tempo seja reduzido, sugere-se simplificar ou suprimir as etapas ou atividades de acordo com o contexto da escola em questão.

No contexto pandêmico, em que os estudantes estavam desmotivados e com lacunas de aprendizagem devido às configurações do ensino remoto e, posteriormente, o ensino híbrido, a etapa 1 foi extremamente relevante na volta ao ensino presencial, porquanto contribuiu para o embasamento teórico e a motivação. Em circunstâncias mais favoráveis, é possível suprimir a prática com a cena do crime, nessa etapa inicial, e utilizar apenas o material com a questão-problema e informações para investigar um crime fictício, sem que os estudantes tenham que criar uma nova história (Apêndice B, p.68).

Vale salientar que, na etapa 2, as orientações para pesquisa, discussão e esclarecimentos, após a pesquisa dos estudantes, foram imprescindíveis para a atividade prática de construção de *fingerprinting*, devido à complexidade das técnicas de biologia molecular para os estudantes.

A compreensão teórica dos conceitos básicos de genética, já mencionados neste estudo, antes da atividade prática de construção de perfis, é reforçado por outros autores que aplicaram em sua sala de aula uma atividade semelhante (REED, 2001; MERAW, 2012; NEVES; NEVES, 2016).

A etapa 3, embora seja uma atividade atrativa para o estudante, devido à sua característica lúdica, pode ser suprimida ou simplificada nas turmas com grande quantidade de estudantes ou com pouco espaço disponível.

5.3 ARTIGO – UTILIZAÇÃO DO DNA FORENSE COMO FERRAMENTA AUXILIAR NA COMPREENSÃO DE TEMAS BÁSICOS DA GENÉTICA MENDELIANA E MOLECULAR

Ânia Patrícia Bevenuto da Silva¹, José Eduardo Garcia²

¹ Mestrado Profissional em Ensino de Biologia (ProfBio), Campus Vitória de Santo Antão, Universidade Federal de Pernambuco;

² Professor, Doutor, Campus Vitória de Santo Antão, Universidade Federal de Pernambuco.
Autor para correspondência: aniabevenuto@hotmail.com

Artigo a ser submetido à Revista Genética na Escola (seção na sala de aula)

(<https://www.geneticanaescola.com/criterios-de-avaliacao>)

UTILIZAÇÃO DO DNA FORENSE COMO FERRAMENTA AUXILIAR NA COMPREENSÃO DE TEMAS BÁSICOS DA GENÉTICA MENDELIANA E MOLECULAR

O artigo apresenta e descreve uma sequência didática que aborda conceitos básicos de genética em uma perspectiva lúdica, conduzida com aulas teóricas e práticas baseadas no ensino por investigação, vivenciadas no ensino médio em uma escola localizada na Ilha de Itamaracá/PE. Com o objetivo de solucionar um crime fictício, os estudantes atuaram como peritos criminais, coletando vestígios, construindo perfis genéticos com materiais de baixo custo, relacionando, de maneira dinâmica e contextualizada, técnicas de DNA forense com conceitos teóricos de genética mendeliana e molecular.

Palavras-chave: DNA *fingerprinting*. Ensino de genética. Ensino por investigação. Ludicidade.

DNA FORENSE E O ENSINO DE GENÉTICA

A utilização do DNA com fins de identificação humana teve destaque em meados dos anos 80 (JEFFREYS; WILSON; THEIN, 1985). Nessa mesma década, Kery Mullis aprimorou a técnica de PCR - Reação em Cadeia da Polimerase – e automatizou o processo de sequenciamento de DNA, descrito por Frederick Sanger na década de 1970 (DIAS FILHO; FRANCEZ, 2018).

Desde então, a tecnologia tem avançado, e as técnicas vêm sendo aplicadas nas mais diversas situações, como em casos de investigação de paternidade, de quimerismo, de desaparecidos e na identificação de cadáveres, trocas de crianças na maternidade, identificação de recém-nascidos, suspeita de troca de cadáveres em cemitério, entre outros (JOBIM et al., 2018).

O DNA forense é um tema relevante que pode ser trabalhado em Biologia e em Química, portanto sua natureza é interdisciplinar. Tem potencial para favorecer o engajamento dos estudantes em atividades, pois eles estão familiarizados com o tema devido à influência de filmes policiais e de séries de TV.

Assim, considerando o exposto, neste artigo, foi criada uma sequência didática que envolveu dez estudantes, todos com 17 anos de idade, do terceiro ano da Escola de Referência em Ensino Médio Alberto Augusto de Moraes Pradines, localizada na Ilha de Itamaracá/PE.

Essa proposta de ensino objetivou relacionar, de maneira contextualizada, técnicas de DNA forense com conceitos de genética mendeliana e molecular. Para estimular o engajamento dos estudantes no ensino por investigação, foi utilizada a ludicidade. As aulas foram ministradas em período de pandemia (Covid-19), com aulas presenciais, depois de um longo período de aulas remotas e em horários diferentes das aulas convencionais, portanto, como uma atividade extra para estudantes voluntários. Esta proposta pode ser aplicada em outras escolas, com as devidas adaptações, de acordo com o contexto em que estiverem inseridas.

PREPARAÇÃO PARA A INVESTIGAÇÃO

A sequência didática foi iniciada com um pré-teste (Apêndice A) para mapear os conhecimentos prévios, seguido de uma aula expositiva dialogada com 50 minutos de duração acerca de temas básicos de genética (genética mendeliana e meiose, localização do DNA na célula, estrutura do DNA e replicação de DNA), com a finalidade de levantar conhecimentos prévios e preencher lacunas existentes no conhecimento.

Depois da aula teórica, foi ministrada uma aula prática em sala de aula. Uma cena de crime simples foi construída pela professora (Figura 1).

Figura 1 – Esquema de cena de crime criada em sala de aula



Legenda: (1) Boneca; (2) sangue falso; (3) fita zebraada para isolar a área; (4) bijuteria; (5) tesoura; e (6) pegadas feitas com o sangue falso

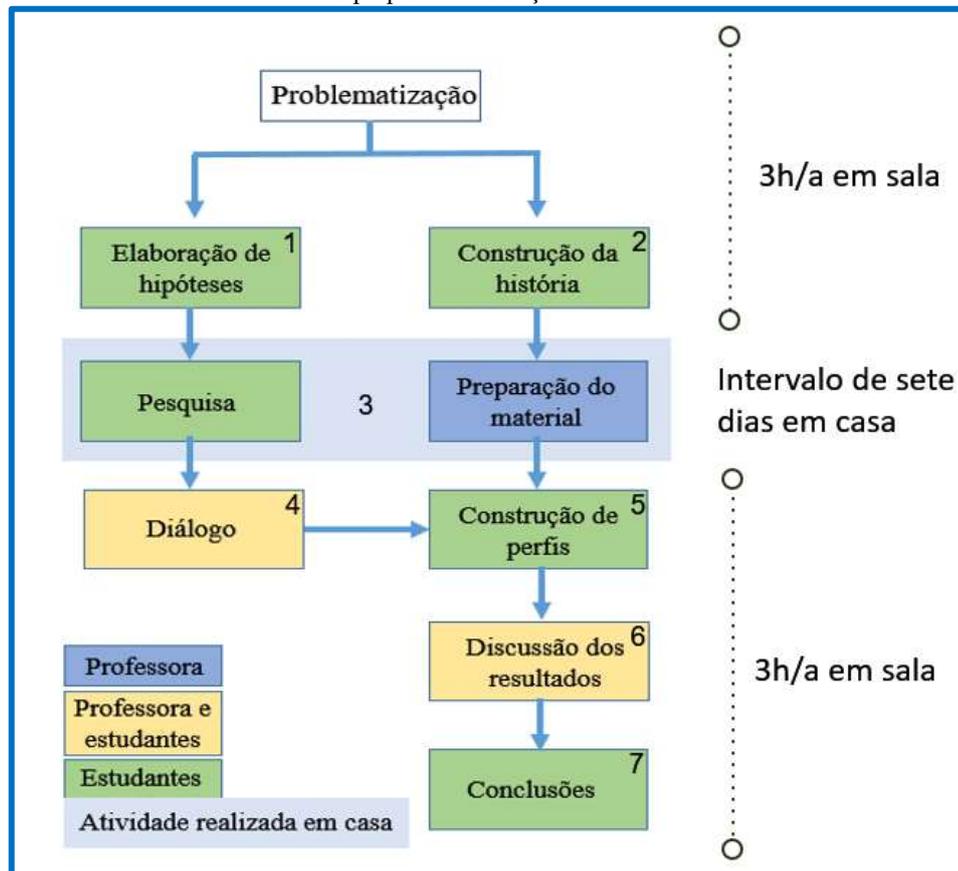
Os estudantes observaram a cena e refletiram sobre como resolver o crime. Diante desse problema, expressaram ideias, em princípio, com a tentativa ansiosa e entusiasmada de descrever o fenômeno ocorrido. Posteriormente supuseram como agiria um perito criminal

naquela situação. Em seus comentários, eles abordaram o método a ser utilizado e os vestígios que deveriam coletar, com o intuito de chegar ao autor do delito. As atividades realizadas até esse momento contribuíram para embasar conceitos de genética, estimular a imaginação e desenvolver uma postura investigativa. Os dez estudantes foram divididos em três grupos. Cada um discutiu e escreveu, em um diário de bordo, os temas e as situações vivenciadas no final dessas atividades.

A IDENTIFICAÇÃO DO AUTOR DO DELITO POR MEIO DO DNA

“Como identificar o autor do delito por meio do DNA?” Essa foi a pergunta que norteou a atividade investigativa. Depois de instigados a pensar e a resolver problemas com a atividade anterior, essa pergunta mais específica foi apresentada. A figura 2 apresenta as ações resultantes dessa problematização, quem as desenvolveu, o tempo necessário e o local onde foi realizada.

Figura 2 – Apresentação e sequência das ações a partir da problematização com indicação dos participantes por cor e tempo para a realização das atividades



Cada grupo de estudantes recebeu um material com a problematização, uma imagem de uma cena de crime, depoimentos de testemunhas e a indicação de três suspeitos (Figura 3).

Figura 3 – Material para a problematização e o embasamento para construir a cena do crime fictícia

Como identificar o autor do delito por meio do DNA?


Jorge
 Suspeito 1


Carlos
 Suspeito 2


Marcos
 Suspeito 3

Testemunhas e suspeitos:

<p>Testemunha 1 (Proprietário do bar)</p> <p>“Estava limpando as mesas, já estava preparando para fechar, quando chegou um homem magro, com estatura mediana aparentava ter uns vinte e poucos anos. Foi em direção ao Matias, falaram baixo algumas palavras e o esfaqueou, jogou a faca e saiu correndo tão rápido que perdeu um dos chinelos. A única coisa que eu ouvi foi: ‘Agora está pago’. O Matias foi pego de surpresa, nem deu tempo de defender-se.”</p>	<p>Testemunha 2 (Vizinho do bar)</p> <p>“Estava sentado num banco da praça e ouvi um barulho estranho no bar, olhei e vi quando um homem saiu correndo em direção a um carro que estava parado, um carro tipo sedan prata, não sei identificar nem a marca do carro nem a placa, foi muito rápido. Um homem magro, entrou no carro e saíram rapidamente”.</p>
<p>Suspeito 1: Jorge</p> <p>Foi reconhecido pelo proprietário do bar. Motivação para cometer o crime: a vítima devia dinheiro ao suposto algoz, este cobrava a dívida insistentemente, havia desentendimento constante entre eles.</p>	<p>Suspeito 3: Marcos (Foragido)</p> <p>Descrição física corresponde com o depoimento das testemunhas Motivação: Teve oportunidade para cometer o crime, pois teria visto o dinheiro sobre a mesa. Era conhecido por praticar assaltos na região e assassinava quem reagia ou negasse entregar o que ele exigia.</p>
<p>Suspeito 2: Carlos</p> <p>A descrição física corresponde. Motivação para cometer o crime: Um desentendimento entre as famílias deles no passado.</p>	

Elaboração de hipóteses.

Base para a história e determinação de número de perfis genéticos a serem construídos.

Com o material em mãos, cada grupo discutiu e anotou suas hipóteses para a pergunta norteadora. Nas hipóteses elaboradas, disseram como fariam uma investigação para chegar ao autor do delito e citaram a análise de amostras de sangue, a arma do crime e se limitaram aos vestígios biológicos que deveriam coletar.

Durante a elaboração das hipóteses e da escrita em seus respectivos diários de bordo, os estudantes questionaram se seria possível “conseguir” DNA em impressões digitais em objetos. Eles foram informados de que pode ser levado em consideração o DNA de contato (VAN OORSCHOT; JONES, 1997) e que o contato da pele com algumas superfícies deixa células epiteliais, que são amostras desafiadoras, mas podem ser viáveis para identificar quem originou o toque. Discutiram entre eles que, se fossem encontradas marcas que indicassem movimentos de defesa, poderia ser encontrado material biológico do criminoso sob as unhas da vítima.

É interessante notar que os estudantes identificaram onde, possivelmente, encontrariam material biológico para a investigação, mas não especificaram como iriam analisar os materiais e identificar o culpado. A questão foi respondida sete dias depois. Esse foi o tempo que os estudantes tiveram para fazer uma pesquisa em casa. Para isso, utilizaram vários meios, como materiais disponíveis na sala de aula virtual, livro didático, sites e vídeos disponíveis na internet. Esse intervalo de dias para essa etapa foi importante também para a professora, porque ele precisa organizar os materiais de acordo com o quantitativo de perfis genéticos e o número de repetições em cada perfil.

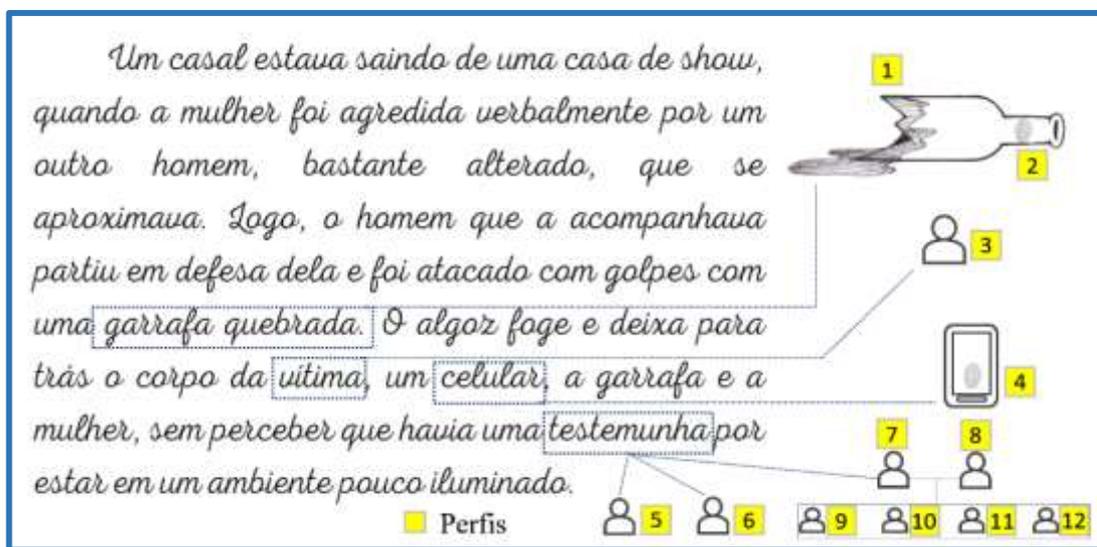
Como já era esperado, os estudantes sentiram dificuldade de compreender alguns termos específicos da área. No entanto, no encontro seguinte, respostas aceitáveis chegaram ao diálogo, como, por exemplo, que teriam que analisar as amostras encontradas na cena do crime, verificar as sequências nucleotídicas repetidas no DNA e comparar com os suspeitos. O suspeito que tivesse o mesmo número de repetições da amostra encontrada na arma do crime seria o autor do delito. Esse foi um momento em que os estudantes dialogaram com a professora e expressaram suas dificuldades e dúvidas para entender as técnicas.

Para solucionar problemas e dirimir dúvidas sobre eletroforese, PCR e DNA *fingerprinting* em sala de aula, foi utilizado um projetor com imagens com esquemas sobre as técnicas. Essa exposição dialogada foi importante para o desenvolvimento da atividade seguinte – a produção de perfis genéticos. Somente quando os estudantes tiveram as dúvidas sanadas acerca de regiões hipervariáveis no DNA, técnica de eletroforese e PCR, foi que a atividade prática pôde ser iniciada.

Para o crime a ser investigado, o professor que desejar aplicar essa sequência didática pode usar a história sugerida no material. Nesse relato, os estudantes criaram uma história com

base no material de apoio disponibilizado - um homicídio, indicando suspeitos, testemunha, vítima, arma do crime e vestígios para a coleta de materiais biológicos, o que totalizou 12 perfis a serem construídos. A arma do crime escolhida foi uma garrafa quebrada contendo sangue da vítima e impressões digitais do algoz no gargalo e um celular na cena do crime com impressões digitais (vestígios). A partir da oitiva da testemunha, chegaram aos suspeitos 1, 2 e 3, este último por estar foragido. Com base nos perfis da ex-esposa e de seus quatro filhos (Figura 4), os estudantes reconstruíram o perfil.

Figura 4 – História criada pelos estudantes com as indicações dos perfis a serem construídos



Dentre os três suspeitos sugeridos, a professora, secretamente, escolheu um para ser o culpado. Os estudantes só descobriram quando construíram e fizeram o confronto entre os perfis genéticos. A partir da história deles, os materiais, o esquema de cromossomos e a eletroforese foram confeccionados conforme o quadro 1. Para construir esses perfis, observaram-se as sequências e o número de repetições possíveis para os marcadores escolhidos, utilizados para identificação humana pela comunidade da Genética Forense (DIAS FILHO *et al.*, 2020).

Quadro 1 – Simulação de alelos com respectivas sequências nucleotídicas e cores para construção de perfis genéticos

C	T	S	C	Perfis: repetições nas versões de alelos
---	---	---	---	--

				1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
				Garrafa (Extremidade amebreada)	Garrafa (Gargalo)	Vítima	Celular	Suspeito 1	Suspeito 2	Suspeito 3(Foragido)	Ex-esposa (Suspeito3)	Filho 1 (Suspeito3)	Filho 2 (Suspeito3)	Filho 3 (Suspeito3)	Filho 4 (Suspeito3)
5	D5S818	AGAT	Amarelo	10	18	10	18	4	18	11	11	11	11	11	11
				25	4	25	4	10	4	12	11	12	11	12	12
8	D8S1179	TCTG	Vermelho	8	7	8	7	14	7	11	14	11	11	14	14
				14	12	14	12	11	12	16	14	14	14	16	16
13	D13S317	TATC	Azul	5	8	5	8	5	8	12	11	12	11	11	12
				15	8	15	8	12	8	12	13	13	12	12	13
18	D18S51	AGAA	Verde	40	35	40	35	13	35	13	15	13	15	16	13
				20	30	20	30	19	30	16	19	15	16	19	19

Para essa atividade, só foram utilizados lápis de cor (amarelo, vermelho, azul e verde) e folhas de ofício com representação de eletroforese para fazer o confronto entre os perfis (Apêndice B), as sequências nucleotídicas representando versões de cromossomos (Apêndice C) e material de apoio (ver figura 3).

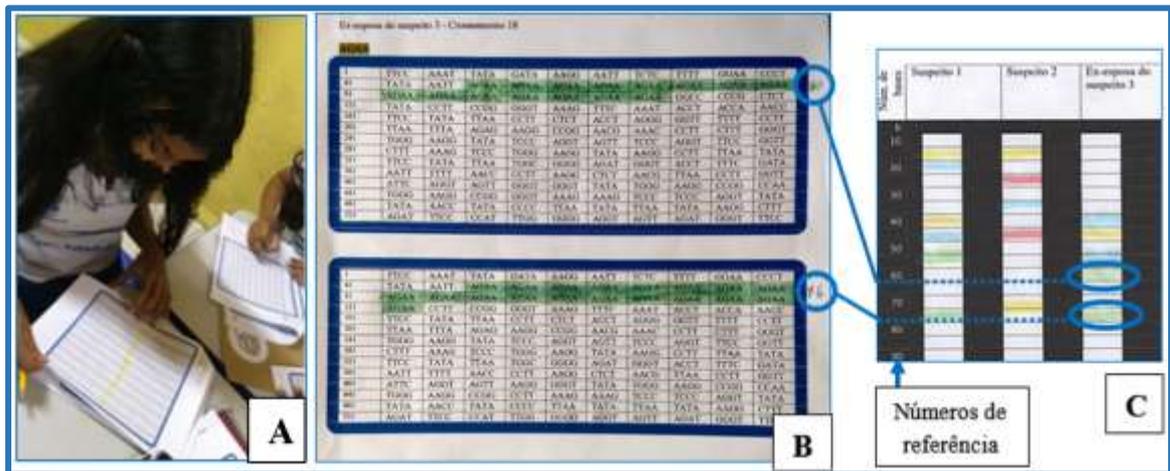
PRODUÇÃO DOS PERFIS GENÉTICOS

Com o quantitativo de 12 perfis definidos, cada grupo recebeu um envelope com as simulações de cromossomos e de eletroforese. O Grupo 1 recebeu materiais para construir quatro perfis; o Grupo 2, para quatro perfis; e o Grupo 3, para três perfis. Para cada perfil, foi utilizado um bloco de folhas de ofício com a simulação de quatro pares de cromossomos e informações sobre a origem da amostra, o número de cromossomos, as sequências de bases do marcador e a cor que deveria ser utilizada (Apêndice C). No instrumental de eletroforese, cada coluna corresponde a um perfil, que foi devidamente identificado quanto à origem da amostra de DNA (Apêndice B).

Para construir o perfil, inicialmente, os grupos utilizaram o bloco com a simulação de cromossomos, encontraram e pintaram as repetições das sequências indicadas no início da página com a cor correspondente e determinaram o número de bases (Figura 5B). Depois, observaram, no instrumental de eletroforese, a primeira coluna com números de base como referência e preencheram as lacunas nas colunas do perfil indicado, no local adequado, de acordo com o número de bases e com a cor adequada para o marcador (Figura 5C). Construíram

todos os perfis com os materiais que foram disponibilizados. Restou um perfil a ser construído - o perfil do suspeito 3, o foragido.

Figura 5 – (A) Estudantes identificando as seqüências nucleotídicas repetidas em uma versão de alelo; (B) Representação esquemática de seqüências de nucleotídeos em cromossomos, em destaque o cromossomo 18 com repetições marcadas com a cor verde e número de bases determinadas, para a construção de perfil genético; e, (C) Simulação de eletroforese capilar.



Com o intuito de reunir as informações distribuídas entre os três grupos para construir um quadro único, a professora anotou, no quadro da sala, o número de repetições encontradas nos esquemas de cromossomos da ex-esposa e dos filhos do suspeito 3, enquanto os estudantes informavam seus resultados. Observaram as repetições dos alelos da mãe, identificaram e marcaram os alelos que os filhos herdaram da mãe, assim, deduziram que os alelos restantes foram herdados do pai, ou seja, o suspeito 3 (Figura 6).

Figura 6 - Reconstrução do perfil do suspeito 3

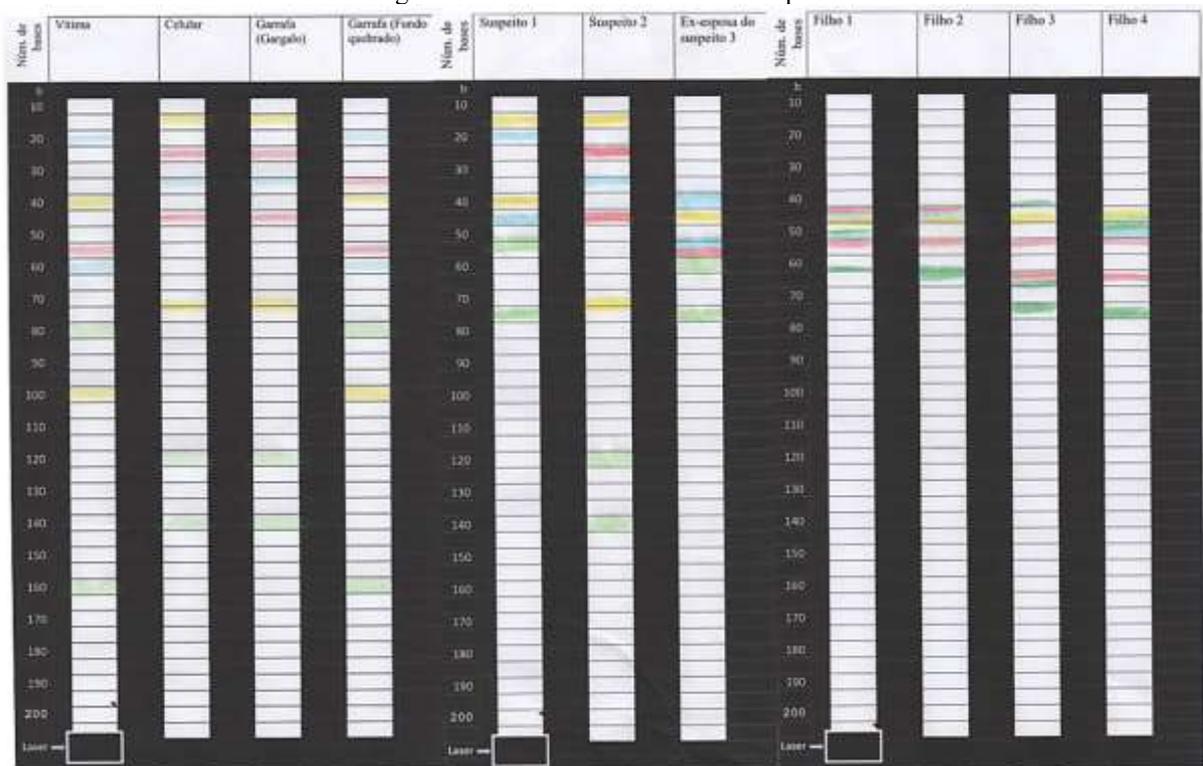
Loci	Ex-esposa do suspeito foragido	Filho 1	Filho 2	Filho 3	Filho 4	Suspeito 3
D5S818	11,12	11,12	11,11	11,12	11,12	11,12
D8S1179	14,14	14,14	11,14	14,16	14,16	11,16
D13S317	11,13	12,13	11,12	11,12	12,13	12,12
D16S51	15,19	13,15	15,16	16,19	13,19	13,16

Nesse ponto da atividade, podem-se rever alguns esquemas de cromossomos cujas repetições não haviam sido pintadas nem foram contabilizadas. Ao descobrir que, em um dos filhos, o número de repetições não havia sido herdado da mãe nem apareciam nos irmãos, os estudantes concluíram que o perfil estava incorreto ou não pertencia ao filho do casal. Isso

demonstrou que os estudantes compreenderam e aplicaram a Genética mendeliana. Eles revisaram o instrumental, encontraram e corrigiram o erro, e o perfil do suspeito 3 foi reconstruído. O quadro foi compilado pelos estudantes no diário de bordo.

Os perfis construídos pelos três grupos foram postos lado a lado para serem confrontados (Figura 7). Eles observaram a posição e as cores das bandas e constataram que o perfil do celular e do gargalo da garrafa são iguais, portanto, pertencem à mesma pessoa, nesse caso, ao suspeito 2. Logo, indicaram que o suspeito 2 esteve na cena do crime e o consideraram culpado.

Figura 7 – Perfis construídos pelos estudantes no instrumental que simula a separação por tamanho dos fragmentos de DNA em eletroforese capilar



CULMINÂNCIA

Os estudantes se entusiasmaram para mostrar o trabalho realizado nos bastidores à comunidade escolar em forma de encenação. Para esse propósito, na sala de aula, os estudantes construíram um cenário com uma cena do crime e um Instituto de Genética e estabeleceram os papéis que iriam representar: câmeras, jornalistas, vítima, peritos de cena e de laboratório, investigadora e testemunha. Alguns escolheram o papel que desejavam seguir como profissão e vestiram-se para a apresentação com o figurino correspondente. A participação nessa etapa

foi bem dinâmica, desde vestir-se para o personagem até cortar papéis para confeccionar letras para a decoração.

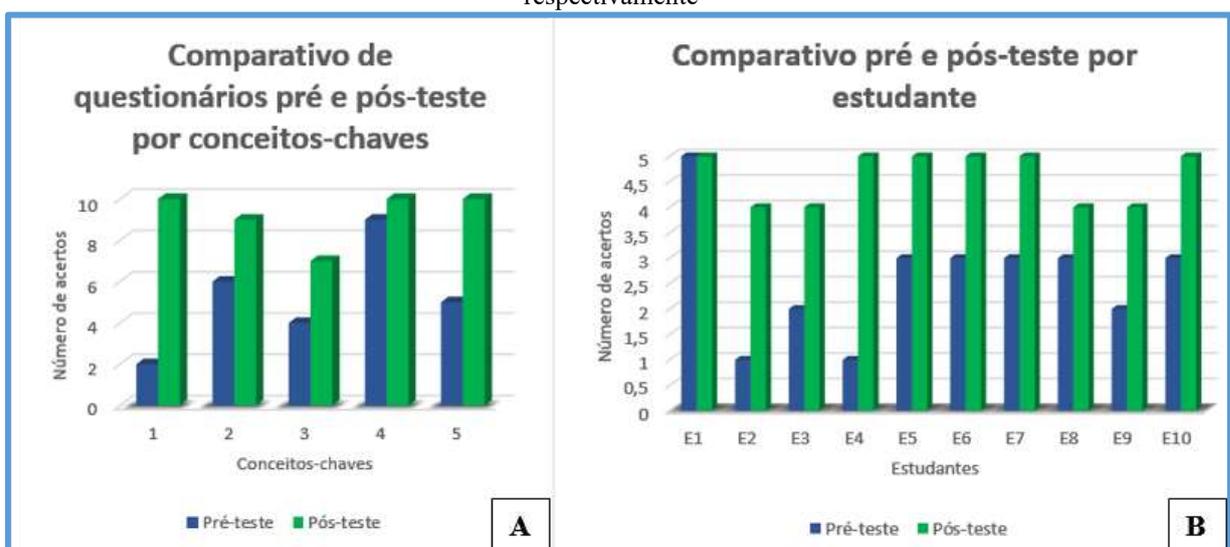
No momento da apresentação, que durou dez minutos, os expectadores fizeram, inconscientemente, o papel de curiosos, assistiram à chegada da investigadora fazendo o isolamento da área, a cobertura jornalística, a chegada dos peritos, os procedimentos na cena do crime, a apresentação dos peritos do laboratório explicando como construíram os perfis genéticos e informando quem esteve na cena do crime. Para finalizar, com base no resultado dos peritos, a investigadora encerrou o caso indicando o culpado para a TV Ilha (fictícia) diante dos expectadores (estudantes, professores e equipe gestora da escola).

AVALIAÇÃO

Além da avaliação qualitativa realizada ao longo do processo, foi aplicado um questionário pré-teste, para mapear as concepções prévias dos estudantes, e um pós-teste no final das atividades (Apêndice A).

O comparativo dos questionários (Figura 8A) revelou que, no conceito 1 – Replicação do DNA - poucos estudantes acertaram (20%) o pré-teste, enquanto, no pós-teste, houve 100% de acertos. Esse resultado condiz com o relato dos estudantes, que afirmaram que não tiveram contato com esse conceito antes da intervenção.

Figura 8- Comparativo entre pré-teste e pós-teste por conceitos e por estudantes nas figuras A e B, respectivamente



Legenda: (A) Conceitos-chaves: 1 – Replicação do DNA; 2 – Genética mendeliana e meiose; 3 – DNA *fingerprinting*; 4 – Teste de paternidade; e 5 – PCR. (B) Código por estudante: E1 – Estudante 1 a E10 – Estudante 10

Para o conceito 2, as respostas mostram que 60% dos estudantes já compreendiam a relação da meiose e as Leis de Mendel. Após a intervenção, esse percentual aumentou para 90%, o que foi evidenciado na atividade de reconstrução do perfil genético do suspeito 3 a partir dos perfis da ex-esposa e dos filhos.

O conceito 3 - DNA *fingerprinting* - apresentou 40% de compreensão no pré-teste, e 70%, no pós-teste, e o teste de paternidade, conceito 4, apresentou o maior percentual de acertos do pré-teste (90%) e 100% de compreensão no pós-teste. O interessante é que, apesar de serem os mesmos procedimentos, os estudantes conseguiram identificar a relação de parentesco comparando as bandas em uma eletroforese, porém não compreendiam o que eram as bandas e, menos ainda, como se dava o processo para a produção do *fingerprinting*, o que confirma uma aprendizagem mecânica, em que conseguiam responder, mas não compreendiam o porquê da resposta.

Para o conceito 5, PCR, metade dos estudantes acertaram no pré-teste, e no final, todos acertaram. Esse foi um resultado coerente, já que houve também 100% de acertos no pós-teste para o conceito 1 – replicação de DNA, tendo em vista a estreita relação entre esses dois conceitos. Todos os estudantes tiveram um desempenho positivo no pós-teste em relação ao pré-teste, com destaque para o E1 (Figura 8B), que teve 100% de acerto nos dois testes.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Embora tenha sido vivenciada como atividade extra, a sequência didática descrita mostrou-se muito envolvente e adaptável à realidade das escolas. Caso o professor disponha de pouco tempo, pode utilizar parte das etapas, especialmente a produção de *fingerprinting*, como atividade prática para consolidar conceitos.

Além da atividade prática, para acompanhar o desenvolvimento de conceitos de genética mendeliana e molecular, foram utilizados o diário de bordo de cada grupo de estudantes e as falas nos diálogos ao longo das atividades. O comparativo entre os questionários pré e pós-teste comprovou que houve aprendizagem em todos os conceitos-chave trabalhados. As atividades favorecem a abertura de espaço para se discutir acerca da utilização do DNA forense para inocentar e condenar pessoas acusadas de crimes. Isso demonstra a contribuição da ciência para uma sociedade mais justa.

No final da sequência didática, os estudantes de todos os grupos destacaram a atividade prática como facilitadora de aprendizagem e aprofundamento de conceitos que consideravam difíceis de compreender. Eles disseram que ampliaram a visão sobre a Genética vista em sala

de aula devido à sua aplicação social. Por fim, um grupo se declarou satisfeito devido à experiência e aos conhecimentos adquiridos ao longo da sequência didática vivenciada.

PARA SABER MAIS

CHRISTENSEN, D. Forensic DNA Banding Patterns: How to simulate & Explain DNA fingerprinting in a classroom with no budget. **The American Biology Teacher**, California, v. 75, n. 9, p. 682-691, nov. 2013.

DIAS FILHO, C. R.; FRANCEZ, P. A. C. Introdução à Biologia Forense. 2. ed. Campinas: Millennium Editora, 2018.

JEFFREYS, A. J.; WILSON, V.; THEIN, S. L. Individual-specific 'fingerprints' of human DNA. **Nature**, 30 Jun 1985, 316(6023):76-79.

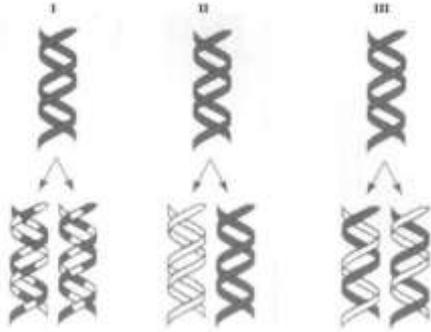
JOBIM, L. F. *et al.* **Identificação Humana**: identificação médico-legal - perícias odontológicas - identificação pelo DNA. (Tratado de Perícias Criminais) 3ª. ed. Campinas, SP: Millennium editora, 2018. 275p.

VAN OORSCHOT, R. A. H.; JONES, M. K. DNA fingerprints from fingerprints. **Nature**. Vol. 387. 19 June 1997.

APÊNDICE A – QUESTIONÁRIOS PRÉ E PÓS-TESTE

Questionário para avaliação pré-teste

1. (UFRGS) Observe a figura abaixo, que ilustra os diferentes modelos propostos para a replicação do DNA.



O experimento de Meselson e Stahl, realizado em 1957, comprovou que o modelo correto para a replicação do DNA é o:

I, porque a dupla-hélice original não contribui com a nova dupla-hélice.

II, porque, na replicação dispersiva, a densidade do novo DNA é a metade da densidade do DNA original.

III, porque a dupla-hélice original é preservada, e uma nova molécula é gerada.

III, porque cada nova molécula de DNA contém uma fita nova e uma antiga completas.

III, porque, na replicação semiconservativa, uma das fitas do DNA original é degradada.

2. (UNIFOR - CE) – Um estudante, ao iniciar o Curso de Genética, anotou o seguinte:

I. Cada caráter hereditário é determinado por um par de fatores e, como esses se separam na formação dos gametas, cada gameta recebe apenas um fator do par.

II. Cada par de alelos presentes nas células diploides separa-se na meiose, de modo que cada célula haploide só recebe um alelo do par.

III. Antes da divisão celular se iniciar, cada molécula de DNA se duplica e, na mitose, as duas moléculas resultantes se separam indo para células diferentes.

- A primeira lei de Mendel está expressa em:

a) I, somente.

b) II, somente.

c) I e II, somente.

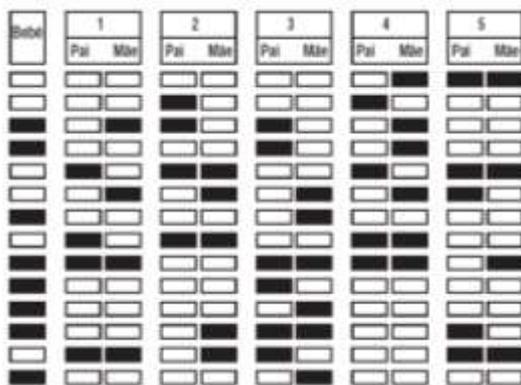
d) II e III, somente.

e) I, II e III.

3. (UFPE/UFRPE) A impressão digital genética (DNA fingerprint) é um dos testes desenvolvidos com o avanço da Engenharia Genética. Já disponível em alguns laboratórios, seu resultado se traduz num padrão de bandas, semelhante a um código de barras utilizado no comércio. Tal impressão genética dá a identidade individual de forma segura. No DNA *fingerprint*, o que se observa são:

- a) moléculas mistas de DNA e RNA;
- b) segmentos de desoxirriboses;
- c) fragmentos de riboses e de grupos fosfatos;
- d) sequências de DNA;
- e) proteínas chaves codificadas por DNA simples.

4. (ENEM-2013) Cinco casais alegavam ser os pais de um bebê. A confirmação da paternidade foi obtida pelo exame de DNA. O resultado do teste está esquematizado na figura, em que cada casal apresenta um padrão com duas bandas de DNA (faixas, uma para o suposto pai e outra para a suposta mãe), comparadas à do bebê.



Que casal pode ser considerado como pais biológicos do bebê?

- a. 1 b. 2 c. 3 d. 4 e. 5

5. (ENEM-2017) A reação em cadeia da polimerase (PCR, na sigla em inglês) é uma técnica de biologia molecular que permite replicação *in vitro* do DNA de forma rápida.

Essa técnica surgiu na década de 1980 e permitiu avanços científicos em todas as áreas de investigação genômica. A dupla hélice é estabilizada por ligações hidrogênio, duas entre as bases adenina (A) e timina (T) e três entre as bases guanina (G) e citosina (C). Inicialmente, para que o DNA possa ser replicado, a dupla hélice precisa ser totalmente desnaturada (desenrolada) pelo aumento da temperatura, quando são desfeitas as ligações hidrogênio entre as diferentes bases nitrogenadas.

Qual dos segmentos de DNA será o primeiro a desnaturar totalmente durante o aumento da temperatura na reação de PCR?



Questionário para avaliação pós-teste

Assinale 'V', para a alternativa verdadeira, e 'F', para a falsa.

1. () Cada par de alelos presentes nas células diploides separa-se na meiose, de modo que cada célula haploide só recebe um alelo do par.
2. () A replicação do DNA é semiconservativa, isto é, as fitas filhas consistem de uma fita parental e uma recém-sintetizada.
3. () No teste de paternidade, observa-se o padrão de bandas no filho e compara-se com dos supostos pais. Se as bandas forem iguais, significa que o DNA apresenta um grau de parentesco.
4. () Tocar um objeto com as mãos nuas pode deixar células suficientes para a tipagem de DNA por meio da PCR.
5. () No DNA *fingerprinting*, o que se observa são as bandas de uma eletroforese.

APÊDICE C – INSTRUMENTAL REPRESENTAÇÃO DE CROMOSSOMOS PARA PRODUÇÃO DO PERFIL DE DNA

Vítima - Cromossomo 5

D5S818 - **AGAT**

1	TAGA	CCTT	AAAC	TTTA	CCCT	AAAA	TTCC	CTCT	TCTC	CCCT
41	TCCT	TTTG	GGGA	AAAC	CAAT	TCCC	AGGT	TATA	AAAC	TTTC
81	GGGT	AAAT	TTGG	CCTT	AACG	GAGA	AGTT	TTTC	CCTT	TAAC
121	TCCC	TTGG	AAAG	ATTT	AAAT	GGAA	TTGG	GGTT	ATAT	TTTT
161	TTTT	AAGG	AACC	AATT	GGGA	TATA	GAGA	GATA	TAGA	CCTT
201	TTCC	CCTA	AAAC	TTTA	CCCT	ACAC	ACAT	ATAT	AAAT	GGGA
241	GGGG	TTTC	CCCC	AATT	TTTT	AGGG	AGTT	AGAG	TTTC	GAGA
281	ATAT	ATAT	AAAT	CCCA	ATTT	AGGG	GGAT	AATT	TTTC	CCCC
321	TATA	CCCT	TCCC	CCGG	GGGG	TACG	TGGG	GTTC	ATAT	TATA
361	CTCT	CTCT	TCTC	CCCT	AAAG	GGGA	CCTT	AGAG	GAGA	AAGG
401	ATCC	CCTT	TTAA	AATT	TCCC	TATA	CTTT	TATA	AAGG	GGTT
441	AAAT	TGGC	CCTG	GGTT	TTAA	AACG	AAAC	CCTT	TAGA	TAAA
481	GGGT	TTAA	TTTT	AACC	GGGT	TATA	TTAA	ATAT	ATCT	CTTT
521	GAGA	GGGT	AAAT	ATTT	AGAG	GGGG	AAAA	TTCC	CCTT	AAAT
561	TATA	TAAA	TCCC	CACA	CTCT	TGTG	GGTT	TTGG	AGAG	ATGA
601	ATCC	CCTT	TTAA	TCCC	TATA	CTTT	TATA	TTTA	AAAC	CCCC
641	AAAT	TTTT	CCTG	GAGA	TACA	ATAT	CCTT	GGGA	CCGG	TATA
681	GGGT	TTAA	TTTT	AAGG	TCCC	GAGA	CTTT	TATA	CCCT	CTCT
721	GAGA	GGGA	AAAT	CCTT	GGGA	AAGG	CCCA	ATTT	AATT	ATCC
761	TATA	TAAA	TCCC	CCTT	TATA	TAGA	AACC	GGGT	TATA	AAAT
801	TTGG	TGGC	CCTG	CTTT	AGAT	AGAT	AGAT	AGAT	AGAT	AGAT
841	AGAT	AGAT	AGAT	AGAT	TGGG	GTTT	CCTT	TATA	CTTT	TATA
881	CCCC	AATT	TGGC	CCTG	CCTT	AGAG	CTTT	AACG	AAAC	CCTT
921	AAAT	CCCC	CCCC	ATTT	AGGG	GGAT	AATT	TTTC	CCCC	AAAT
961	ATAT	CCTT	CCGG	ATAT	AACC	GGGT	TATA	TCTC	GGGT	AATA
1001	GAGA	CTTT	CCCT	GAGA	TTAA	TTTT	GGTT	TTAA	TAAA	TCCC
1041	AAGG	AAAT	AATT	AAGG	TGGC	CCTG	AACC	GGGT	AAAG	TGGC
1081	TAGA	TGGC	CTCT	TAGA	GGTT	ATTC	GAGA	CCTT	GGGA	TTAA
1121	ACAC	TTAA	TATA	CTTT	TATA	GGGT	AAGG	CTTT	TATA	GGGT
1161	CCGG	GGGT	TCCC	TCCC	TATA	CTTT	TATA	TTTC	AACG	TAAA
1201	CCCT	TAAA	TTAA	GGGA	AAAT	AACG	AAAC	CCTT	TAGA	TAAA
1241	AATT	GGTT	AGTT	TATA	TCCC	AACC	GGGT	TATA	TATA	TCCC
1281	CCCA	ATTT	AGGG	GGAT	AATT	TTTT	CCCC	ATGG	CTCT	TTAA
1321	TTTA	TATA	CCCA	ATTT	GAGA	TTCC	GAGA	CCTT	ATCC	TGGG
1361	GGGA	CTCT	CCCC	AATT	AAGG	CCGG	AAGG	CTTT	AAAT	TGTG
1401	TATA	ATCC	AAAT	CCCA	AGAG	CCCT	TGGG	GTTC	GGTT	TTAA
1441	AACG	AAAT	AACC	GGGT	TATA	AATT	CCTT	AGAG	AACC	GGGT
1481	AGGT	TATA	CTTT	TATA	AACG	AAAC	CCTT	TAGA	TAAA	AAAA
1521	CCTT	AACG	AAAC	CCTT	TTGG	CCGG	TTTG	TCCC	TTTC	GGGA
1561	CTTT	AACC	TCCC	TGGC	CCTG	CCCT	TTCC	TTAA	ATTG	TATA
1601	GGTT	TTAA	TTAA	CCCC	AATT	AATT	GGGT	AATA	GGGT	AACG
1641	AACC	GGGT	ACTT	AAAT	CCCA	AGGT	TAAA	TCCC	CCCA	ATTT
1681	CTCT	CTTT	AATT	AAGG	ATCC	GAGA	TCCC	TATA	TAAA	CCCC
1721	TATA	GTTT	CCCC	AGAG	AAAT	AAGG	TTAA	AAAC	TAAA	CCCC

1	TAGA	CCTT	AAAC	TTTA	CCCT	AAAA	TTCC	CTCT	TCTC	CCCT
41	TCCT	TTTG	GGGA	AAAC	CAAT	TCCC	AGGT	TATA	AAAC	TTTC
81	GGGT	AAAT	TTGG	CCTT	AACG	GAGA	AGTT	TTTC	CCTT	TAAC
121	TCCC	TTGG	AAAG	ATTT	AAAT	GGAA	TTGG	GGTT	ATAT	TTTT
161	TTTT	AAGG	AACC	AATT	GGGA	TATA	GAGA	GATA	TAGA	CCTT
201	TTCC	CCTA	AAAC	TTTA	CCCT	ACAC	ACAT	ATAT	AAAT	GGGA
241	GGGG	TTTC	CCCC	AATT	TTTT	AGGG	AGTT	AGAG	TTTC	GAGA
281	ATAT	ATAT	AAAT	CCCA	ATTT	AGGG	GGAT	AATT	TTTC	CCCC
321	TATA	CCCT	TCCC	CCGG	GGGG	TACG	TGGG	GTTC	ATAT	TATA
361	CTCT	CTCT	TCTC	CCCT	AAAG	GGGA	CCTT	AGAG	GAGA	AAGG
401	ATCC	CCTT	TTAA	AATT	TCCC	TATA	CTTT	TATA	AAGG	GGTT
441	AAAT	TGGC	CCTG	GGTT	TTAA	AACG	AAAC	CCTT	TAGA	TAAA
481	GGGT	TTAA	TTTT	AACC	GGGT	TATA	TTAA	ATAT	ATCT	CTTT
521	GAGA	GGGT	AAAT	ATTT	AGAG	GGGG	AAAA	TTCC	CCTT	AAAT
561	TATA	TAAA	TCCC	CACA	CTCT	TGTG	GGTT	TTGG	AGAG	ATGA
601	ATCC	CCTT	TTAA	TCCC	TATA	CTTT	TATA	TTTA	AAAC	CCCC
641	AAAT	TTTT	CCTG	GAGA	TACA	ATAT	CCTT	GGGA	CCGG	TATA
681	GGGT	TTAA	TTTT	AAGG	TCCC	GAGA	CTTT	TATA	CCCT	CTCT
721	GAGA	GGGA	AAAT	CCTT	GGGA	AAGG	CCCA	ATTT	AATT	ATCC
761	TATA	TAAA	TCCC	CCTT	TATA	TAGA	AACC	GGGT	TATA	AAAT
801	TTGG	TGGC	CCTG	CTTT	AGAT	AGAT	AGAT	AGAT	AGAT	AGAT
841	AGAT									
881	AGAT	CCTT								
921	AAAT	CCCC	CCCC	ATTT	AGGG	GGAT	AATT	TTTC	CCCC	AAAT
961	ATAT	CCTT	CCGG	ATAT	AACC	GGGT	TATA	TCTC	GGGT	AATA
1001	GAGA	CTTT	CCCT	GAGA	TTAA	TTTT	GGTT	TTAA	TAAA	TCCC
1041	AAGG	AAAT	AATT	AAGG	TGGC	CCTG	AACC	GGGT	AAAG	TGGC
1081	TAGA	TGGC	CTCT	TAGA	GGTT	ATTC	GAGA	CCTT	GGGA	TTAA
1121	ACAC	TTAA	TATA	CTTT	TATA	GGGT	AAGG	CTTT	TATA	GGGT
1161	CCGG	GGGT	TCCC	TCCC	TATA	CTTT	TATA	TTTC	AACG	TAAA
1201	CCCT	TAAA	TTAA	GGGA	AAAT	AACG	AAAC	CCTT	TAGA	TAAA
1241	AATT	GGTT	AGTT	TATA	TCCC	AACC	GGGT	TATA	TATA	TCCC
1281	CCCA	ATTT	AGGG	GGAT	AATT	TTTT	CCCC	ATGG	CTCT	TTAA
1321	TTTA	TATA	CCCA	ATTT	GAGA	TTCC	GAGA	CCTT	ATCC	TGGG
1361	GGGA	CTCT	CCCC	AATT	AAGG	CCGG	AAGG	CTTT	AAAT	TGTG
1401	TATA	ATCC	AAAT	CCCA	AGAG	CCCT	TGGG	GTTC	GGTT	TTAA
1441	AACG	AAAT	AACC	GGGT	TATA	AATT	CCTT	AGAG	AACC	GGGT
1481	AGGT	TATA	CTTT	TATA	AACG	AAAC	CCTT	TAGA	TAAA	AAAA
1521	CCTT	AACG	AAAC	CCTT	TTGG	CCGG	TTTG	TCCC	TTTC	GGGA
1561	CTTT	AACC	TCCC	TGGC	CCTG	CCCT	TTCC	TTAA	ATTG	TATA
1601	GGTT	TTAA	TTAA	CCCC	AATT	AATT	GGGT	AATA	GGGT	AACG
1641	AACC	GGGT	ACTT	AAAT	CCCA	AGGT	TAAA	TCCC	CCCA	ATTT
1681	CTCT	CTTT	AATT	AAGG	ATCC	GAGA	TCCC	TATA	TAAA	CCCC
1721	TATA	GTTT	CCCC	AGAG	AAAT	AAGG	TTAA	AAAC	TAAA	CCCC

Cromossomo 8

D8S1179 – **TCTG**

1	CCCA	TATA	GGGT	AAGG	AATT	CCCT	CCTG	GAGA	TTCC	GGTT
41	AACC	AACG	AAAC	CCCT	TGGC	AACC	TCCC	AGTT	AGAT	CCCT
81	TTTC	AGTT	TCCC	AGGT	TTAA	TTTC	TTAA	GGTT	AACC	AAGG
121	GAGA	ATTT	GAGA	AGTT	CCCT	TTCC	AATA	AGTT	TATA	GGGG
161	AAGG	GGGG	TATA	GGGT	AAGG	CTTT	TCCC	CCCA	AGAT	AAAG
201	TGGG	AAAG	ATTT	TAGA	GGTT	ATTC	GAGA	CCTT	AAAG	GGAT
241	AAAG	CCCA	AGAG	AACG	AAAC	CCTT	AATT	TATA	CCTT	GGGT
281	GGAT	GGGT	TATA	TTTT	AATT	TGGG	GGGA	AATA	AACG	TTTT
321	GGGT	TATA	AACG	TGGC	CTCT	AACG	GGAA	AATT	CCCT	CCTG
361	TTTT	AGAT	TCCC	TAGA	TGGC	CTCT	AACG	AAAC	CCTT	ATTC
401	CCTG	AAGG	TTAA	ACAC	TTAA	TATA	TGGG	CCCA	ATTT	GGGT
441	ATTC	GGTT	AATA	CCCA	ATTT	GAGA	TTCC	GGTT	AACC	CTTT
481	GGGT	AAAC	TCCC	GGGG	AATT	GGGG	AAGG	CCTT	CCCT	TTCC
521	CTTT	TAGA	GGTT	ATTC	GAGA	CCTT	GGTT	TAGA	TGGC	CTCT
561	TCCC	AGGT	AATT	TGGG	CCCA	ATTT	AAAC	ACAC	TTAA	TATA
601	GAGA	AGTT	TAGA	GGTT	ATTC	GAGA	CCTT	CTTT	TTCC	ATTT
641	TGGC	CCCA	ATTT	GAGA	TTCC	GGGA	AATA	AACG	ATTT	TATA
681	TTAA	AGAT	TATA	AAAA	TTTA	CCCA	AGAG	AAAA	GGGG	AGAT
721	GAGA	TTCC	GGAT	AATT	TGGG	GGGT	TATA	CCCC	AAAG	CCCT
761	AAGG	CCGG	GGGT	AAAG	TTTT	TATA	AACG	GGTT	ATTC	AAGG
801	GGTT	ATTC	TTTT	CCCC	GATA	GATA	GATA	GATA	GATA	GATA
841	GATA	GATA	CCTG	TATA	TGGC	GAGA	GAGA	TTCC	TGGC	GGGG
881	GAGA	TTCC	ATTC	AAGG	TTAA	AAGG	AAGG	CCGG	TTAA	AAAG
921	AAGG	CTTT	GGGT	GGTT	AACC	TGGG	CCCA	ATTT	GAGA	TTCC
961	TGGG	ATTC	CTTT	TAAA	TTTC	TTCC	ATTT	GGTT	ATTC	CCCC
1001	GGTT	AACC	GGGA	AATA	AACG	CTTT	GGGG	AGAT	CCTT	TATA
1041	GGGG	AGTT	GAGA	TTCC	GGGG	ATTC	AAAG	TCCC	AAAA	AAGG
1081	AAAG	CCCA	AAGG	CCGG	AAAG	TAGA	TATA	TTAA	CTCT	GGTT
1121	ATTT	TATA	GGGT	AAGG	CTTT	ACAC	AGAT	AATA	TGGC	TAAA
1161	GGGG	AACC	CCCC	GAGA	TCTG	TCTG	TCTG	TCTG	TCTG	TCTG
1201	TCTG	TCTG	TATA	AAGG	TATA	TGGC	GAGA	GAGA	GAGA	AGTT
1241	AAGG	TGGC	AAGG	TCCC	AGGT	CCCA	AGAG	TAGA	TGGC	CTCT
1281	GGTT	TTAA	GGTT	GAGA	AGTT	GGGT	TATA	ACAC	TTAA	TATA
1321	AAAC	ATTT	TAAA	AAAT	CTTT	TATA	AACG	GGTT	ATTC	AAAG
1361	TGGC	CTCT	AACG	TATA	GGGT	AAGG	CTTT	GGGA	AATA	AACG

1	CCCA	TATA	GGGT	AAGG	AATT	CCCT	CCTG	GAGA	TTCC	GGTT
41	AACC	AACG	AAAC	CCTT	TGGC	AACC	TCCC	AGTT	AGAT	CCCT
81	TTTC	AGTT	TCCC	AGGT	TTAA	TTTC	TTAA	GGTT	AACC	AAGG
121	GAGA	ATTT	GAGA	AGTT	CCCT	TTCC	AATA	AGTT	TATA	GGGG
161	AAGG	GGGG	TATA	GGGT	AAGG	CTTT	TCCC	CCCA	AGAT	AAAG
201	TGGG	AAAG	ATTT	TAGA	GGTT	ATTC	GAGA	CCTT	AAAG	GGAT
241	AAAG	CCCA	AGAG	AACG	AAAC	CCTT	AATT	TATA	CCTT	GGGT
281	GGAT	GGGT	TATA	TTTT	AATT	TGGG	GGGA	AATA	AACG	TTTT
321	GGGT	TATA	AACG	TGGC	CTCT	AACG	GGAA	AATT	CCCT	CCTG
361	TTTT	AGAT	TCCC	TAGA	TGGC	CTCT	AACG	AAAC	CCTT	ATTC
401	CCTG	AAGG	TTAA	ACAC	TTAA	TATA	TGGG	CCCA	ATTT	GGGT
441	ATTC	GGTT	AATA	CCCA	ATTT	GAGA	TTCC	GGTT	AACC	CTTT
481	GGGT	AAAC	TCCC	GGGG	AATT	GGGG	AAGG	CCTT	CCCT	TTCC
521	CTTT	TAGA	GGTT	ATTC	GAGA	CCTT	GGTT	TAGA	TGGC	CTCT
561	TCCC	AGGT	AATT	TGGG	CCCA	ATTT	AAAC	ACAC	TTAA	TATA
601	GAGA	AGTT	TAGA	GGTT	ATTC	GAGA	CCTT	CITT	TTCC	ATTT
641	TGGC	CCCA	ATTT	GAGA	TTCC	GGGA	AATA	AACG	ATTT	TATA
681	TTAA	AGAT	TATA	AAAA	TTTA	CCCA	AGAG	AAAA	GGGG	AGAT
721	GAGA	TTCC	GGAT	AATT	TGGG	GGGT	TATA	CCCC	AAAG	CCCT
761	AAGG	CCGG	GGGT	AAAG	TTTT	TATA	AACG	GGTT	ATTC	AAGG
801	GGTT	ATTC	TTTT	CCCC	GATA	GATA	GATA	GATA	GATA	GATA
841	GATA	GATA	CCTG	TATA	TGGC	GAGA	GAGA	TTCC	TGGC	GGGG
881	GAGA	TTCC	ATTC	AAGG	TTAA	AAGG	AAGG	CCGG	TTAA	AAAG
921	AAGG	CTTT	GGGT	GGTT	AACC	TGGG	CCCA	ATTT	GAGA	TTCC
961	TGGG	ATTC	CTTT	TAAA	TTTC	TTCC	ATTT	GGTT	ATTC	CCCC
1001	GGTT	AACC	GGGA	AATA	AACG	CTTT	GGGG	AGAT	CCTT	TATA
1041	GGGG	AGTT	GAGA	TTCC	GGGG	ATTC	AAAG	TCCC	AAAA	AAGG
1081	AAAG	CCCA	AAGG	CCGG	AAAG	TAGA	TATA	TTAA	CTCT	GGTT
1121	ATTT	TATA	GGGT	AAGG	CTTT	ACAC	AGAT	AATA	TGGC	TAAA
1161	GGGG	AACC	CCCC	GAGA	TCTG	TCTG	TCTG	TCTG	TCTG	TCTG
1201	TCTG	TCTG	TATA	AAGG	TATA	TGGC	GAGA	GAGA	GAGA	AGTT
1241	AAGG	TGGC	AAGG	TCCC	AGGT	CCCA	AGAG	TAGA	TGGC	CTCT
1281	GGTT	TTAA	GGTT	GAGA	AGTT	GGGT	TATA	ACAC	TTAA	TATA
1321	AAAC	ATTT	TAAA	AAAT	CTTT	TATA	AACG	GGTT	ATTC	AAAG
1361	TGGC	CTCT	AACG	TATA	GGGT	AAGG	CTTT	GGGA	AATA	AACG

Cromossomo 13

D13S317 – TATC

1	AGGT	TTAA	AACC	CTTA	AGAG	TTTG	GGGG	ACCT	TATA	TTCC
41	CCTT	AACC	TTGG	AAAT	TATA	TTAT	AAAG	AACG	GATA	GGGG
81	GGGT	CCCT	AGGT	GGGT	TTCC	ACCT	TATA	TCCC	TATA	CCCC
121	ATTA	CCAT	AAAT	AAAA	AGAT	CAAT	AAAA	TTAA	AACG	TATA
161	AAAT	TATA	GGTT	TTTA	GGGT	TTTA	AGTT	GGGT	TATA	TTTA
201	TGGG	GATA	AACG	TTAA	CCTT	GGTT	TATA	CCTT	TTTT	AACC
241	TTTT	AACC	TGGG	AAGG	AAGG	CCTT	AGAT	GGGT	AGGT	AGTT
281	AGGT	AGTT	GGGG	AGGT	GGTT	TATC	TATC	TATC	TATC	TATC
321	AGGT	CCTT	CCGG	TGGC	GGGG	AGAT	AAGG	AGGT	GGGT	TTTT
361	TTTA	TTTT	AACC	AGTT	GGGT	GGGT	CCTT	CTCT	AACG	GGTT
401	AAGG	AGGT	AGTT	AACG	AACG	CCTT	CCGG	CCCT	CCTT	ATAT
441	AAAG	GGGG	AGGT	TCCC	CTCT	AAGG	AGGT	CCAT	AAGG	AATT
481	CCTT	CTCT	AGTT	TTAA	TATA	GGTT	AAAT	TATA	AACG	TTAA
521	GGGT	CCGG	TATA	AATA	CCGG	CCTT	CCTT	TTTT	TGGG	AAGG
561	AACG	AGGT	AGAT	TCCC	AGGT	AGGT	AAGG	AGTT	GGGT	GGGT
601	AAAA	CCTT	TATA	AAAA	TGGC	GGGG	AGAT	TTAA	AACG	GGTT
641	CCCT	GGGT	TTTA	TCCC	TATA	GGGT	TTTA	CCGG	TCCC	CCTT
681	CCAT	CCTT	TATA	TTAA	AACG	AACG	AAGG	AGGT	TTAA	AAGG
721	TATA	AAGG	GATA	GGGT	TATA	ACCT	AAAG	CCCT	AATA	GGTT
761	AACG	TTAA	GCTT	GGGG	AGGT	AACG	AGTT	CCAT	TCCC	CCTT
801	TGGG	AAGG	CCTT	TTTT	AACC	TTTT	TATA	TATA	ACCT	AGGT
841	AAAT	TATA	GGGT	AGGT	AGTT	TTAA	AGAT	TTTT	TATA	CCTT
881	AGTT	GGGT	GGGT	TGGC	GGGG	AGAT	CCTT	CTCT	TTTA	AAGG

1	AGGT	TTAA	AACC	CTTA	AGAG	TTTG	GGGG	ACCT	TATA	TTCC
41	CCTT	AACC	TTGG	AAAT	TATA	TTAT	AAAG	AACG	GATA	GGGG
81	GGGT	CCCT	AGGT	GGGT	TTCC	ACCT	TATA	TCCC	TATA	CCCC
121	ATTA	CCAT	AAAT	AAAA	AGAT	CAAT	AAAA	TTAA	AACG	TATA
161	AAAT	TATA	GGTT	TTTA	GGGT	TTTA	AGTT	GGGT	TATA	TTTA
201	TGGG	GATA	AACG	TTAA	CCTT	GGTT	TATA	CCTT	TTTT	AACC
241	TTTT	AACC	TGGG	AAGG	AAGG	CCTT	AGAT	GGGT	AGGT	AGTT
281	AGGT	AGTT	GGGG	AGGT	GGTT	AGGT	CCTT	CCGG	TATC	TATC
321	TATC									
361	TATC	TATC	TATC	AGTT	GGGT	GGGT	CCTT	CTCT	AACG	GGTT
401	AAGG	AGGT	AGTT	AACG	AACG	CCTT	CCGG	CCCT	CCTT	ATAT
441	AAAG	GGGG	AGGT	TCCC	CTCT	AAGG	AGGT	CCAT	AAGG	AATT
481	CCTT	CTCT	AGTT	TTAA	TATA	GGTT	AAAT	TATA	AACG	TTAA
521	GGGT	CCGG	TATA	AATA	CCGG	CCTT	CCTT	TTTT	TGGG	AAGG
561	AACG	AGGT	AGAT	TCCC	AGGT	AGGT	AAGG	AGTT	GGGT	GGGT
601	AAAA	CCTT	TATA	AAAA	TGGC	GGGG	AGAT	TTAA	AACG	GGTT
641	CCCT	GGGT	TTTA	TCCC	TATA	GGGT	TTTA	CCGG	TCCC	CCTT
681	CCAT	CCTT	TATA	TTAA	AACG	AACG	AAGG	AGGT	TTAA	AAGG
721	TATA	AAGG	GATA	GGGT	TATA	ACCT	AAAG	CCCT	AATA	GGTT
761	AACG	TTAA	GCTT	GGGG	AGGT	AACG	AGTT	CCAT	TCCC	CCTT
801	TGGG	AAGG	CCTT	TTTT	AACC	TTTT	TATA	TATA	ACCT	AGGT
841	AAAT	TATA	GGGT	AGGT	AGTT	TTAA	AGAT	TTTT	TATA	CCTT
881	AGTT	GGGT	GGGT	TGGC	GGGG	AGAT	CCTT	CTCT	TTTA	AAGG

Cromossomo 18

AGAA

1	TTCC	AAAT	TATA	GATA	AAGG	AATT	TCTC	TTTT	GGAA	CCCT
41	TATA	AATT	AGAA							
81	AGAA									
121	AGAA									
161	AGAA									
201	AGAA	AGAA	AGAG	AAGG	CCGG	AACG	AAAC	CCTT	CTTT	GGGT
241	TGGG	AAGG	TATA	TCCC	AGGT	AGTT	TCCC	AGGT	TCCC	GGTT
281	CTTT	AAAG	TCCC	TGGG	AAGG	TATA	AAGG	CCTT	TTAA	TATA
321	TTCC	TATA	TTAA	TGGC	GGGG	AGAT	GGGT	ACCT	TTTT	GATA
361	AATT	TTTT	AACC	CCTT	AAGG	CTCT	AACG	TTAA	CCTT	GGTT
401	ATTC	AGGT	AGTT	GGGT	GGGT	TATA	TGGG	AAGG	CCGG	CCAA
441	TGGG	AAGG	CCGG	GGGT	AAAG	AAAG	TCCC	TCCC	AGGT	TATA
481	TATA	AACC	TATA	CCCC	TTAA	TATA	TTAA	TATA	AAGG	CTTT
521	AGAT	TTCC	CCAT	TTGG	GGGG	AGGT	AGTT	AGAT	GGGT	TTCC

1	TTCC	AAAT	TATA	GATA	AAGG	AATT	TCTC	TTTT	GGAA	CCCT
41	TATA	AATT	AGAA							
81	AGAA									
121	AGAA	AGAA	CCGG	GGGT	AAAG	TTTC	AAAT	ACCT	ACCA	AACC
161	TTCC	TATA	TTAA	CCTT	CTCT	ACCT	AGGG	GGTT	TTTT	CCCT
201	TTAA	TTTA	AGAG	AAGG	CCGG	AACG	AAAC	CCTT	CTTT	GGGT
241	TGGG	AAGG	TATA	TCCC	AGGT	AGTT	TCCC	AGGT	TTCC	GGTT
281	CTTT	AAAG	TCCC	TGGG	AAGG	TATA	AAGG	CCTT	TTAA	TATA
321	TTCC	TATA	TTAA	TGGC	GGGG	AGAT	GGGT	ACCT	TTTT	GATA
361	AATT	TTTT	AACC	CCTT	AAGG	CTCT	AACG	TTAA	CCTT	GGTT
401	ATTC	AGGT	AGTT	AAGG	GGGT	TATA	TGGG	AAGG	CCGG	CCAA
441	TGGG	AAGG	CCGG	CCTT	AAAG	AAAG	TCCC	TCCC	AGGT	TATA
481	TATA	AACC	TATA	CCCC	TTAA	TATA	TTAA	TATA	AAGG	CTTT
521	AGAT	TTCC	CCAT	TTGG	GGGG	AGGT	AGTT	AGAT	GGGT	TTCC

6 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Ao longo da SEI, percebeu-se um grande interesse dos estudantes pelo tema DNA forense, apesar das dificuldades apresentadas no questionário pré-teste sobre os conceitos de genética. Esse fato foi constatado nas observações das interações dos grupos registradas na rubrica de acompanhamento. Assim, a SEI apresentada cumpriu o importante papel de promover o engajamento dos estudantes em atividades sem a necessidade de recompensas, em outras palavras, os estudantes realizaram as atividades por considerá-las interessantes ou satisfatórias.

O caso de um crime real solucionado utilizando o DNA, apresentado antes de abordar os conceitos de genética, funcionou como contexto para aproximar os conceitos científicos da realidade dos estudantes. Ao lançar a questão-problema, eles formularam hipóteses, testaram-nas confrontando com os resultados, argumentaram e apresentaram resultados, portanto, desenvolveram uma postura investigativa. Eles participaram de forma ativa, seguindo passos e tomando atitudes inerentes à ciência para realizar as atividades.

O resultado dos testes aplicados corrobora os resultados das interações discursivas, dos textos escritos e das atividades práticas de produção de perfis genéticos. Todos eles demonstraram que passaram a compreender bem mais os temas de genética trabalhados ao longo da SEI. Por essa razão, é necessário criar estratégias de ensino inovadoras e abordar temas atraentes, como os trabalhados neste estudo, para facilitar o processo de ensino-aprendizagem de temas considerados difíceis, como a Genética.

Como produto deste estudo, criamos uma sequência didática utilizando materiais de baixo custo, a qual poderá ser replicada e adaptada à realidade das escolas. O tema trabalhado favorece a reflexão e poderá contribuir para formar cidadãos mais conscientes e críticos diante dos avanços tecnológicos ligados a um atributo inerente ao ser humano, a justiça. Portanto, as contribuições dessa SEI vão além da aprendizagem de conceitos de genética, porquanto são benefícios que atravessam os muros da escola e o tempo presente.

REFERÊNCIAS

- ALBERTS, B. *et al.* **Biologia Molecular da Celula**. 6. ed. São Paulo: ArtMed, 2017.
- ALVES, V. N.; CAMPOS, M.; WASKO, A. P. Dos conteúdos de genética na educação formal: que demandas trazem os estudantes de ensino médio? **Revista do EDICC**, Campinas, v. 7, p. 74-83, out. 2021.
- BARBOSA, A. M. Ciclo do Esforço Investigativo Criminal. **Revista Brasileira de Ciências Policiais**, Brasília, v. 1, n. 1, p. 153-179, jan./jun. 2010.
- BARBOSA, R. P.; ROMANO, L. H. História e importância da genética na área forense. **Revista Saúde em Foco**, Teresina, n. 10, p. 300-307, 2018.
- BONACCORSO, N. S. **Aplicação do exame de DNA na elucidação de crimes**. Orientadora: Irene Batista Muakad. 2005. 156 f. Dissertação (Mestrado em Medicina Forense) - Departamento de Direito Penal, Faculdade de Direito da Universidade de São Paulo, São Paulo, 2005.
- BONNEY, K. M.; NICHOLAS, L. The Mysterious Murder of Christa Worthington. **The American Biology Teacher**, California, v. 9, n. 79, p. 702-710, 2017. Disponível em: www.ucpress.edu/journals.php?p=reprints. Acesso em: 21 maio 2020.
- BUTLER, J. M. *et al.* Forensic DNA typing by capillary electrophoresis using the ABI Prism 310 and 3100 genetic analyzers for STR analysis. **Electrophoresis**, Weinheim, v. 25, n. 10-11, p. 1397-1412, 2004.
- BRASIL. Ministério da Educação. **Base Nacional Comum Curricular (BNCC): Educação é a Base**. Brasília, MEC, 2018. Disponível em: http://basenacionalcomum.mec.gov.br/images/BNCC_publicacao.pdf. Acesso em: 03 set. 2020.
- CARDONA, T. S. *et al.* Introducing DNA Concepts to Swiss High School Students Based on a Brazilian Educational Game. **Biochemistry and Molecular Biology Education**, Hoboken, v. 35, n. 6, p. 416-421, 2007.
- CARVALHO, A. M. P. Fundamentos teóricos e metodológicos do Ensino por Investigação. **Revista Brasileira de Pesquisa em Educação em Ciências RBPEC**, Belo Horizonte, v. 18, n. 3, p. 765-794, dez. 2018.
- CHRISTENSEN, D. Forensic DNA Banding Patterns: how to simulate & explain DNA fingerprinting in a classroom with no budget. **The American Biology Teacher**, Lancaster, v. 75, n. 9, p. 682-691, nov. 2013.
- CLEMENT, L.; CUSTÓDIO, J. F.; ALVES FILHO, J. P. Potencialidades do Ensino por Investigação para promoção da motivação autônoma na educação científica. **ALEXANDRIA Revista de Educação em Ciência e Tecnologia**, Florianópolis, v.8, n. 1, p.101-129, maio 2015.

DEGRANDI, T. M. *et al.* Jogo CSI: simulando a análise de um crime para ensinar genética. **Genética na Escola**, São Paulo, v. 17, n. 1, p. 80-102, 2022.

DIAS FILHO, C. R. *et al.* **Introdução à Genética Forense**. Campinas: Millennium, 2020. 614 p. (Ciência contra o crime).

ESPÍNDULA, A. **Perícia criminal e cível: uma visão geral para peritos e usuários da perícia**. 4. ed. Campinas, SP: Millennium Editora, 2013. 481p.

FABRÍCIO, M. *et al.* A compreensão das leis de Mendel por alunos de Biologia na educação básica e na licenciatura. **Ensaio: pesquisa em educação em Ciências**, Belo Horizonte, v. 8, n. 1, p. 83-103, jul. 2006.

FELCHER, C. D. O.; FERREIRA, A. L. A.; FOLMER, V. Da pesquisa-ação à pesquisa participante: discussões a partir de uma investigação desenvolvida no facebook. **Experiências em Ensino de Ciências**, Cuiabá, v.12, n. 7, p. 1-18, 2017.

FRANCO, M. A. S. Pedagogia da pesquisa-ação. **Educação e Pesquisa**, São Paulo, v. 31, n. 3, p. 483-502, set./dez. 2005.

FURUZAWA, C. P. **Comunicação e indústria audiovisual: crime, compensação simbólica e outras questões sobre as séries policiais televisivas**. Orientador: João Guilherme Barone Reis e Silva. 2014. 155 f. Dissertação (Mestrado em Comunicação Social) - Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2014.

GONZAGA, P. C. *et al.* A prática de ensino de Biologia em escolas públicas: perspectivas na visão de alunos e professores. *In: ENCONTRO NACIONAL DE DIDÁTICA E PRÁTICAS DE ENSINO*, 16., 2012, Campinas. **Anais [...]** Campinas: Junqueira & Marin Editores, 2012. p. 3580-3589.

GRÖSZ, L. C. B.; ALMEIDA, R. H. F. Ensinando genética de forma lúdica: utilização de um jogo de tabuleiro para alunos do terceiro ano do ensino médio. **Revista Prática Docente**, Confresa, v. 2, n. 2, p. 336-350, jul./dez. 2017.

JEFFREYS, A. J.; WILSON V.; THEIN, S. L. Individual-specific 'fingerprints' of human DNA. **Nature**, Londres, v. 316, n. 6023, p. 76-79, 30 Jun 1985.

JOBIM, L. F. *et al.* **Identificação Humana: identificação médico-legal - perícias odontológicas - identificação pelo DNA**. 3 ed. Campinas, SP: Millennium editora, 2018. 275p. (Tratado de Perícias Criminais).

LEAL, C. A.; MEIRELLES, R. M. S.; RÔÇAS, G. O que estudantes do ensino médio pensam sobre genética? Concepções discentes baseada na Análise de Conteúdo. **Revista Eletrônica Científica Ensino Interdisciplinar**, Mossoró, v. 5, n. 13, p. 71-86, 2019.

LEAL, L. A. B.; D'ÁVILA, C. M. A ludicidade como princípio formativo. **Interfaces Científicas: Educação**, Aracajú, v.1, n. 2, p. 41-52, fev. 2013.

MALAFAIA, G.; BÁRBARA, V. F.; RODRIGUES, A. S. de L. Análise das concepções e opiniões de discentes sobre o ensino da Biologia. **Revista Eletrônica de Educação**, São Carlos, SP, v. 4, n. 2, p. 165-182, nov. 2010.

MERAW, L. J. Identity Crisis. **Science Activities: projects and curriculum ideas in STEM Classrooms**, Londres, v. 49, n. 2, p. 60-63, 06 mar. 2012.

MINAYO, M. C. S. (org.). **Pesquisa Social: Teoria, método e criatividade**. 18 ed. Petrópolis: Vozes, 2001.

MULLIS, K. B. *et al.* Specific Enzymatic Amplification of DNA In Vitro: the polymerase chain reaction. **Cold Spring Harbor symposia on quantitative biology**, Woodbury, v. 51, p. 263-273, 1986.

NEVES, M. A.; NEVES, M. L. A Biologia Forense no jogo didático: uma ferramenta motivacional para o ensino de Genética em uma abordagem investigativa. **Revista da SBEnBio**, Niterói, n. 9, p. 3704-3715, 2016.

OLIVEIRA, T. S.; MORAES FILHO, A. V. Técnicas de biologia molecular utilizadas para desvendar crimes. **Saúde & Ciência em Ação: Revista Acadêmica do Instituto de Ciências da Saúde**, Goiânia, v. 4, n. 1, p. 89-102, 2018.

PALMER, L. K. Using Harry Potter to introduce students to DNA fingerprinting e forensic Science. **The American Biology Teacher**, Lancaster, v. 72, n. 4, p. 241-244, abr. 2010.

PEDASTE, M. *et al.* Phases of inquiry-based learning: Definitions and the inquiry cycle. **Educational Research Review**, Amsterdam, v. 14, p. 47-61, 2015.

PEIXE, P.D.; PINHEIRO, L.G.; ARAÚJO, M.F.F.; MOREIRA, S.A. Os temas DNA e Biotecnologia em livros didáticos de Biologia: abordagem em ciência, tecnologia e sociedade no processo educativo. **Acta Scientiae**, Canoas, v. 19, n. 1, p. 177-191, 2017.

PERNAMBUCO. Secretaria de Educação e Esportes. Gabinete do secretário. **Portaria SEE nº 3024, de 30 de setembro de 2020**. Estabelece o Protocolo Setorial para retorno das atividades nas Instituições de Ensino Estaduais a fim de mitigar os riscos de transmissão da COVID-19. Recife: SEE, 1 out 2020.

REED, E. A. DNA Fingerprint Simulation: diferente, simple, effective. **The American Biology Teacher**, Lancaster, v. 63, n. 6, p. 437-441, ago. 2001.

SANTOS, V. G.; GALEMBECK, E. Sequência didática com enfoque investigativo: alterações significativas na elaboração de hipóteses e estruturação de perguntas realizadas por alunos do Ensino Fundamental I. **Revista Brasileira de Pesquisa em Educação em Ciências RBPEC**, Belo Horizonte, v. 18, n. 3, p. 879-904, dez. 2018.

SASSERON, L. H. Alfabetização científica, Ensino por Investigação e argumentação: relações entre Ciências da Natureza e Escola. **Revista Ensaio**, Belo Horizonte, v. 17, n. esp., p. 49-67, nov. 2015.

SEBASTIANY, A. P.; PIZZATO, M. C.; SALGADO, T. D. M. Aprendendo a investigar através de uma atividade investigativa sobre Ciência Forense e investigação criminal. **Revista Brasileira de Ensino de Ciência e Tecnologia**, Ponta Grossa, v. 8, n. 4, p. 252-287, set./dez. 2015.

STEVENS, D. D.; LEVI, A. J. **Introductions to rubrics**: na assessment tool to save grading time, convey effective feedback and promote student learning. Virginia: Stylus, 2005.

TEIXEIRA, M. V.; NASCIMENTO, D. L. Atividades lúdicas no processo de ensino e aprendizagem dos conceitos de genética. **Educação Pública**, Rio de Janeiro, v. 20, n. 14, p. 1-6, 14 abr. 2020. Disponível em:
<https://educacaopublica.cecierj.edu.br/artigos/20/15/atividades-ludicas-no-processo-de-ensino-e-aprendizagem-dos-conceitos-de-genetica>. Acesso em: 15 set. 2021

TRIVELATO, S. L. F.; TONIDANDEL, S. M. R. Ensino por investigação: eixos organizadores para sequências de ensino de Biologia. **Revista Ensaio**, Belo Horizonte, v. 17, n. esp., p. 97-114, nov. 2015.

VALENTE, R. STF absolve condenado por estupro que passou 10 anos preso e foi eximido por DNA. **Folha de São Paulo**, São Paulo, 18 dez. 2018.

VAN OORSCHOT, R. A. H.; BALLANTYNE, K. N.; MITCHELL, R. J. Forensic trace DNA: a review. **Investigative Genetics**, London, v. 1, n. 1, p. 1-14, 2010.

VAN OORSCHOT, R. A. H.; JONES, M. K. DNA fingerprints from fingerprints. **Nature**, London, v. 387, p. 767, 19 jun. 1997.

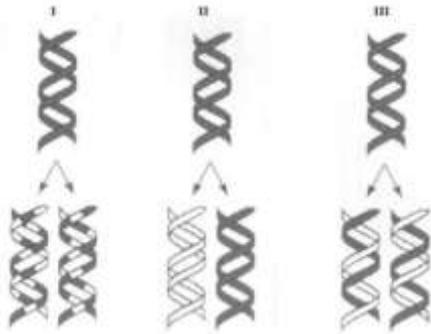
VYGOTSKY, L. S. **A formação social da mente**. 4. ed. São Paulo: Martins Fontes, 1991. 90p.

WALLACE-MÜLLER, K. The DNA detective game. **Science in School**: the European Journal for Science Teachers, Heidelberg, v. 19, n. 19 p. 30-35, 25 maio 2011.

APÊNDICE A – QUESTIONÁRIOS PRÉ E PÓS-TESTE

Questionário para avaliação pré-teste

1. (UFRGS) Observe a figura abaixo, que ilustra os diferentes modelos propostos para a replicação do DNA.



O experimento de Meselson e Stahl, realizado em 1957, comprovou que o modelo correto para a replicação do DNA é o:

I, porque a dupla-hélice original não contribui com a nova dupla-hélice.

II, porque, na replicação dispersiva, a densidade do novo DNA é a metade da densidade do DNA original.

III, porque a dupla-hélice original é preservada, e uma nova molécula é gerada.

III, porque cada nova molécula de DNA contém uma fita nova e uma antiga completas.

III, porque, na replicação semiconservativa, uma das fitas do DNA original é degradada.

2. (Unifor CE) – Um estudante, ao iniciar o Curso de Genética, anotou o seguinte:

I. Cada caráter hereditário é determinado por um par de fatores e, como eles se separam na formação dos gametas, cada gameta recebe apenas um fator do par.

II. Cada par de alelos presentes nas células diploides separa-se na meiose, de modo que cada célula haploide só recebe um alelo do par.

III. Antes de a divisão celular se iniciar, cada molécula de DNA se duplica e, na mitose, as duas moléculas resultantes se separam, indo para células diferentes.

- A primeira lei de Mendel está expressa em:

a) I, somente.

b) II, somente.

c) I e II, somente.

d) II e III, somente.

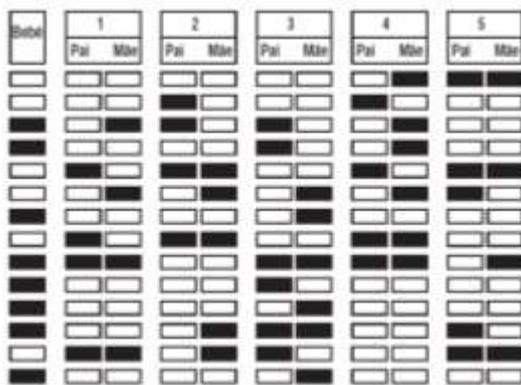
e) I, II e III.

3. (UFPE/UFRPE) A impressão digital genética (DNA fingerprint) é um dos testes desenvolvidos com o avanço da Engenharia Genética. Já disponível em alguns laboratórios, seu resultado se traduz num padrão de bandas, semelhante a um código de barras utilizado no comércio. Tal impressão genética dá a identidade

individual de forma segura. No DNA fingerprint, o que se observa são:

- moléculas mistas de DNA e RNA.
- segmentos de desoxirriboses.
- fragmentos de riboses e de grupos fosfatos.
- sequências de DNA.
- proteínas chaves codificadas por DNA simples.

4. (ENEM-2013) Cinco casais alegavam ser os pais de um bebê. A confirmação da paternidade foi obtida pelo exame de DNA. O resultado do teste está esquematizado na figura, em que cada casal apresenta um padrão com duas bandas de DNA (faixas, uma para o suposto pai e outra para a suposta mãe), comparadas à do bebê.



Que casal pode ser considerado como pais biológicos do bebê?

- a.1 b. 2 c. 3 d. 4 e. 5

5. (ENEM-2017) A reação em cadeia da polimerase (PCR, na sigla em inglês) é uma técnica de biologia molecular que permite replicação *in vitro* do DNA de forma rápida.

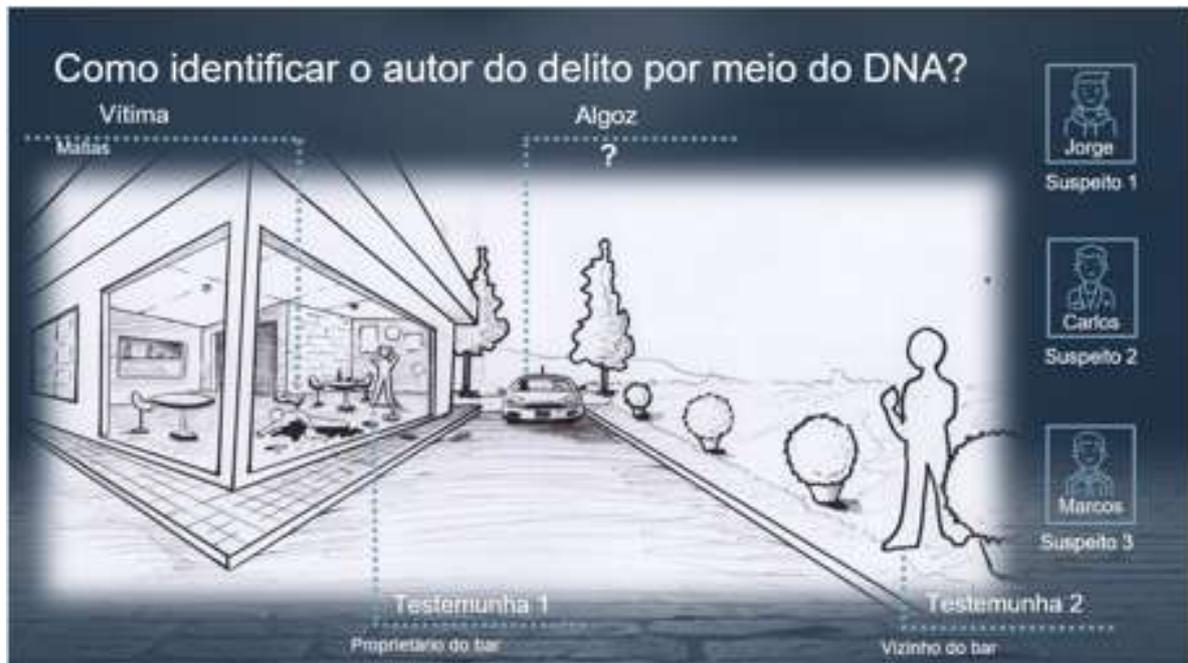
Essa técnica surgiu na década de 1980 e possibilitou avanços científicos em todas as áreas de investigação genômica. A dupla hélice é estabilizada por ligações hidrogênio, duas entre as bases adenina (A) e timina (T) e três entre as bases guanina (G) e citosina (C). Inicialmente, para que o DNA possa ser replicado, a dupla hélice precisa ser totalmente desnaturada (desenrolada) pelo aumento da temperatura, quando são desfeitas as ligações de hidrogênio entre as diferentes bases nitrogenadas.

Qual dos segmentos de DNA será o primeiro a desnaturar totalmente durante o aumento da temperatura na reação de PCR?



Assinale “V” para a alternativa verdadeira e “F” para falsa.

6. () Cada par de alelos presentes nas células diploides separa-se na meiose, de modo que cada célula haploide só recebe um alelo do par.
7. () A replicação do DNA é semiconservativa, isto é, as fitas filhas consistem de uma fita parental e uma recém-sintetizada.
8. () No teste de paternidade, observa-se o padrão de bandas no filho e compara-se com dos supostos pais. Se as bandas forem iguais, significa que o DNA apresenta um grau de parentesco.
9. () Tocar um objeto com as mãos nuas pode deixar células suficientes para a tipagem de DNA por meio da PCR.
10. () No DNA *fingerprinting*, o que se observa são as bandas de uma eletroforese.



Testemunhas e suspeitos:

Testemunha 1 (Proprietário do bar)

“Estava limpando as mesas, já estava preparando para fechar, quando chegou um homem magro, com estatura mediana aparentava ter uns vinte e poucos anos. Foi em direção ao Matias, falaram baixo algumas palavras e o esfaqueou, jogou a faca e saiu correndo tão rápido que deixou um dos chinelos. A única coisa que eu ouvi foi: ‘Agora está pago’. O Matias foi pego de surpresa, nem deu tempo de defender-se.”

Suspeito 1

Foi reconhecido pelo proprietário do bar.
Motivação: a vítima devia dinheiro ao suposto algoz, este cobrava a dívida insistentemente, havia desentendimento constante entre eles.

Testemunha 2 (Vizinho do bar)

“Estava sentado num banco da praça e ouvi um barulho estranho no bar, olhei e vi quando um homem saiu correndo em direção a um carro que estava parado, um carro tipo sedan prata, não sei identificar nem a marca do carro nem a placa, foi muito rápido. Um homem magro, entrou no carro e saíram rapidamente.”

Suspeito 3 (Foragido)

Descrição física corresponde com o depoimento das testemunhas.
Motivação: Teve oportunidade para cometer o crime, pois teria visto o dinheiro sobre a mesa. Era conhecido por praticar assaltos na região e assassinava quem reagia ou negasse entregar o que ele exigia.

Suspeito 2

A descrição física corresponde.

Motivação para cometer o crime: Um desentendimento entre as famílias deles no passado.

APÊNDICE C – INSTRUMENTAL DE ESQUEMAS DE CROMOSSOMOS

Representação de cromossomos para produção do perfil de DNA

Vítima – Cromossomo 5

D5S818 – AGAT



1	TAGA	CCTT	AAAC	TTTA	CCCT	AAAA	TTCC	CTCT	TCTC	CCCT
41	TCCT	TTTG	GGGA	AAAC	CAAT	TCCC	AGGT	TATA	AAAC	TTTC
81	GGGT	AAAT	TTGG	CCTT	AACG	GAGA	AGTT	TTTC	CCTT	TAAC
121	TCCC	TTGG	AAAG	ATTT	AAAT	GGAA	TTGG	GGTT	ATAT	TTTT
161	TTTT	AAGG	AACC	AATT	GGGA	TATA	GAGA	GATA	TAGA	CCTT
201	TTCC	CCTA	AAAC	TTTA	CCCT	ACAC	ACAT	ATAT	AAAT	GGGA
241	GGGG	TTTC	CCCC	AATT	TTTT	AGGG	AGTT	AGAG	TTTC	GAGA
281	ATAT	ATAT	AAAT	CCCA	ATTT	AGGG	GGAT	AATT	TTTC	CCCC
321	TATA	CCCT	TCCC	CCGG	GGGG	TACG	TGGG	GTTT	ATAT	TATA
361	CTCT	CTCT	TCTC	CCCT	AAAG	GGGA	CCTT	AGAG	GAGA	AAGG
401	ATCC	CCTT	TTAA	AATT	TCCC	TATA	CTTT	TATA	AAGG	GGTT
441	AAAT	TGGC	CCTG	GGTT	TTAA	AACG	AAAC	CCTT	TAGA	TAAA
481	GGGT	TTAA	TTTT	AACC	GGGT	TATA	TTAA	ATAT	ATCT	CTTT
521	GAGA	GGGT	AATA	ATTT	AGAG	GGGG	AAAA	TTCC	CCTT	AATT
561	TATA	TAAA	TCCC	CACA	CTCT	TGTG	GGTT	TTGG	AGAG	ATGA
601	ATCC	CCTT	TTAA	TCCC	TATA	CTTT	TATA	TTTA	AAAC	CCCC
641	AAAT	TTTT	CCTG	GAGA	TACA	ATAT	CCTT	GGGA	CCGG	TATA
681	GGGT	TTAA	TTTT	AAGG	TCCC	GAGA	CTTT	TATA	CCCT	CTCT
721	GAGA	GGGA	AAAT	CCTT	GGGA	AAGG	CCCA	ATTT	AATT	ATCC
761	TATA	TAAA	TCCC	CCTT	TATA	TAGA	AACC	GGGT	TATA	AAAT
801	TTGG	TGGC	CCTG	CTTT	AGAT	AGAT	AGAT	AGAT	AGAT	AGAT
841	AGAT	AGAT	AGAT	AGAT	TGGG	GTTT	CCTT	TATA	CTTT	TATA
881	CCCC	AATT	TGGC	CCTG	CCTT	AGAG	CTTT	AACG	AAAC	CCTT
921	AAAT	CCCA	CCCA	ATTT	AGGG	GGAT	AATT	TTTC	CCCC	AATT
961	ATAT	CCTT	CCGG	ATAT	AACC	GGGT	TATA	TCTC	GGGT	AATA
1001	GAGA	CTTT	CCCT	GAGA	TTAA	TTTT	GGTT	TTAA	TAAA	TCCC
1041	AAGG	AAAT	AATT	AAGG	TGGC	CCTG	AACC	GGGT	AAAG	TGGC
1081	TAGA	TGGC	CTCT	TAGA	GGTT	ATTC	GAGA	CCTT	GGGA	TTAA
1121	ACAC	TTAA	TATA	CTTT	TATA	GGGT	AAGG	CTTT	TATA	GGGT
1161	CCGG	GGGT	TCCC	TCCC	TATA	CTTT	TATA	TTTC	AACG	TAAA
1201	CCCT	TAAA	TTAA	GGGA	AATA	AACG	AAAC	CCTT	TAGA	TAAA
1241	AATT	GGTT	AGTT	TATA	TCCC	AACC	GGGT	TATA	TATA	TCCC
1281	CCCA	ATTT	AGGG	GGAT	AATT	TTTC	CCCC	ATGG	CTCT	TTAA
1321	TTTA	TATA	CCCA	ATTT	GAGA	TTCC	GAGA	CCTT	ATCC	TGGG
1361	GGGA	CTCT	CCCC	AATT	AAGG	CCGG	AAGG	CTTT	AAAT	TGTG
1401	TATA	ATCC	AAAT	CCCA	AGAG	CCCT	TGGG	GTTT	GGTT	TTAA
1441	AACG	AAAT	AACC	GGGT	TATA	AATT	CCTT	AGAG	AACC	GGGT
1481	AGGT	TATA	CTTT	TATA	AACG	AAAC	CCTT	TAGA	TAAA	AAAA
1521	CCTT	AACG	AAAC	CCTT	TTGG	CCGG	TTTG	TCCC	TTTC	GGGA
1561	CTTT	AACC	TCCC	TGGC	CCTG	CCCT	TTCC	TTAA	ATTG	TATA
1601	GGTT	TTAA	TTAA	CCCC	AATT	AATT	GGGT	AATA	GGGT	AACG
1641	AACC	GGGT	ACTT	AAAT	CCCA	AGGT	TAAA	TCCC	CCCA	ATTT
1681	CTCT	CTTT	AATT	AAGG	ATCC	GAGA	TCCC	TATA	TAAA	CCCA
1721	TATA	GTTT	CCCA	AGAG	AAAT	AAGG	TTAA	AAAC	TAAA	CCCC

Vítima – Cromossomo 5

D5S818 – AGAT

1	TAGA	CCTT	AAAC	TTTA	CCCT	AAAA	TTCC	CTCT	TCTC	CCCT
41	TCCT	TTTG	GGGA	AAAC	CAAT	TCCC	AGGT	TATA	AAAC	TTTC
81	GGGT	AAAT	TTGG	CCTT	AACG	GAGA	AGTT	TTTC	CCTT	TAAC
121	TCCC	TTGG	AAAG	ATTT	AAAT	GGAA	TTGG	GGTT	ATAT	TTTT
161	TTTT	AAGG	AACC	AATT	GGGA	TATA	GAGA	GATA	TAGA	CCTT
201	TTCC	CCTA	AAAC	TTTA	CCCT	ACAC	ACAT	ATAT	AAAT	GGGA
241	GGGG	TTTC	CCCC	AATT	TTTT	AGGG	AGTT	AGAG	TTTC	GAGA
281	ATAT	ATAT	AAAT	CCCA	ATTT	AGGG	GGAT	AATT	TTTC	CCCC
321	TATA	CCCT	TCCC	CCGG	GGGG	TACG	TGGG	GTTT	ATAT	TATA
361	CTCT	CTCT	TCTC	CCCT	AAAG	GGGA	CCTT	AGAG	GAGA	AAGG
401	ATCC	CCTT	TTAA	AATT	TCCC	TATA	CTTT	TATA	AAGG	GGTT
441	AAAT	TGGC	CCTG	GGTT	TTAA	AACG	AAAC	CCTT	TAGA	TAAA
481	GGGT	TTAA	TTTT	AACC	GGGT	TATA	TTAA	ATAT	ATCT	CTTT
521	GAGA	GGGT	AATA	ATTT	AGAG	GGGG	AAAA	TTCC	CCTT	AATT
561	TATA	TAAA	TCCC	CACA	CTCT	TGTG	GGTT	TTGG	AGAG	ATGA
601	ATCC	CCTT	TTAA	TCCC	TATA	CTTT	TATA	TTTA	AAAC	CCCC
641	AAAT	TTTT	CCTG	GAGA	TACA	ATAT	CCTT	GGGA	CCGG	TATA
681	GGGT	TTAA	TTTT	AAGG	TCCC	GAGA	CTTT	TATA	CCCT	CTCT
721	GAGA	GGGA	AAAT	CCTT	GGGA	AAGG	CCCA	ATTT	AATT	ATCC
761	TATA	TAAA	TCCC	CCTT	TATA	TAGA	AACC	GGGT	TATA	AAAT
801	TTGG	TGGC	CCTG	CTTT	AGAT	AGAT	AGAT	AGAT	AGAT	AGAT
841	AGAT									
881	AGAT	CCTT								
921	AAAT	CCCA	CCCA	ATTT	AGGG	GGAT	AATT	TTTC	CCCC	AATT
961	ATAT	CCTT	CCGG	ATAT	AACC	GGGT	TATA	TCTC	GGGT	AATA
1001	GAGA	CTTT	CCCT	GAGA	TTAA	TTTT	GGTT	TTAA	TAAA	TCCC
1041	AAGG	AAAT	AATT	AAGG	TGGC	CCTG	AACC	GGGT	AAAG	TGGC
1081	TAGA	TGGC	CTCT	TAGA	GGTT	ATTC	GAGA	CCTT	GGGA	TTAA
1121	ACAC	TTAA	TATA	CTTT	TATA	GGGT	AAGG	CTTT	TATA	GGGT
1161	CCGG	GGGT	TCCC	TCCC	TATA	CTTT	TATA	TTTC	AACG	TAAA
1201	CCCT	TAAA	TTAA	GGGA	AATA	AACG	AAAC	CCTT	TAGA	TAAA
1241	AATT	GGTT	AGTT	TATA	TCCC	AACC	GGGT	TATA	TATA	TCCC
1281	CCCA	ATTT	AGGG	GGAT	AATT	TTTC	CCCC	ATGG	CTCT	TTAA
1321	TTTA	TATA	CCCA	ATTT	GAGA	TTCC	GAGA	CCTT	ATCC	TGGG
1361	GGGA	CTCT	CCCC	AATT	AAGG	CCGG	AAGG	CTTT	AAAT	TGTG
1401	TATA	ATCC	AAAT	CCCA	AGAG	CCCT	TGGG	GTTT	GGTT	TTAA
1441	AACG	AAAT	AACC	GGGT	TATA	AATT	CCTT	AGAG	AACC	GGGT
1481	AGGT	TATA	CTTT	TATA	AACG	AAAC	CCTT	TAGA	TAAA	AAAA
1521	CCTT	AACG	AAAC	CCTT	TTGG	CCGG	TTTG	TCCC	TTTC	GGGA
1561	CTTT	AACC	TCCC	TGGC	CCTG	CCCT	TTCC	TTAA	ATTG	TATA
1601	GGTT	TTAA	TTAA	CCCC	AATT	AATT	GGGT	AATA	GGGT	AACG
1641	AACC	GGGT	ACTT	AAAT	CCCA	AGGT	TAAA	TCCC	CCCA	ATTT
1681	CTCT	CTTT	AATT	AAGG	ATCC	GAGA	TCCC	TATA	TAAA	CCCA
1721	TATA	GTTT	CCCA	AGAG	AAAT	AAGG	TTAA	AAAC	TAAA	CCCC

Fonte: Adaptado de Christensen (2013)

Vítima – Cromossomo 8

D8S1179 – **TCTG**

1	CCCA	TATA	GGGT	AAGG	AATT	CCCT	CCTG	GAGA	TTCC	GGTT
41	AACC	AACG	AAAC	CCTT	TGGC	AACC	TCCC	AGTT	AGAT	CCCT
81	TTTC	AGTT	TCCC	AGGT	TTAA	TTTC	TTAA	GGTT	AACC	AAGG
121	GAGA	ATTT	GAGA	AGTT	CCCT	TTCC	AATA	AGTT	TATA	GGGG
161	AAGG	GGGG	TATA	GGGT	AAGG	CTTT	TCCC	CCCA	AGAT	AAAG
201	TGGG	AAAG	ATTT	TAGA	GGTT	ATTC	GAGA	CCTT	AAAG	GGAT
241	AAAG	CCCA	AGAG	AACG	AAAC	CCTT	AATT	TATA	CCTT	GGGT
281	GGAT	GGGT	TATA	TTTT	AATT	TGGG	GGGA	AATA	AACG	TTTT
321	GGGT	TATA	AACG	TGGC	CTCT	AACG	GGAA	AATT	CCCT	CCTG
361	TTTT	AGAT	TCCC	TAGA	TGGC	CTCT	AACG	AAAC	CCTT	ATTC
401	CCTG	AAGG	TTAA	ACAC	TTAA	TATA	TGGG	CCCA	ATTT	GGGT
441	ATTC	GGTT	AATA	CCCA	ATTT	GAGA	TTCC	GGTT	AACC	CTTT
481	GGGT	AAAC	TCCC	GGGG	AATT	GGGG	AAGG	CCTT	CCCT	TTCC
521	CTTT	TAGA	GGTT	ATTC	GAGA	CCTT	GGTT	TAGA	TGGC	CTCT
561	TCCC	AGGT	AATT	TGGG	CCCA	ATTT	AAAC	ACAC	TTAA	TATA
601	GAGA	AGTT	TAGA	GGTT	ATTC	GAGA	CCTT	CTTT	TTCC	ATTT
641	TGGC	CCCA	ATTT	GAGA	TTCC	GGGA	AATA	AACG	ATTT	TATA
681	TTAA	AGAT	TATA	AAAA	TTTA	CCCA	AGAG	AAAA	GGGG	AGAT
721	GAGA	TTCC	GGAT	AATT	TGGG	GGGT	TATA	CCCC	AAAG	CCCT
761	AAGG	CCGG	GGGT	AAAG	TTTT	TATA	AACG	GGTT	ATTC	AAGG
801	GGTT	ATTC	TTTT	CCCC	GATA	GATA	GATA	GATA	GATA	GATA
841	GATA	GATA	CCTG	TATA	TGGC	GAGA	GAGA	TTCC	TGGC	GGGG
881	GAGA	TTCC	ATTC	AAGG	TTAA	AAGG	AAGG	CCGG	TTAA	AAAG
921	AAGG	CTTT	GGGT	GGTT	AACC	TGGG	CCCA	ATTT	GAGA	TTCC
961	TGGG	ATTC	CTTT	TAAA	TTTC	TTCC	ATTT	GGTT	ATTC	CCCC
1001	GGTT	AACC	GGGA	AATA	AACG	CTTT	GGGG	AGAT	CCTT	TATA
1041	GGGG	AGTT	GAGA	TTCC	GGGG	ATTC	AAAG	TCCC	AAAA	AAGG
1081	AAAG	CCCA	AAGG	CCGG	AAAG	TAGA	TATA	TTAA	CTCT	GGTT
1121	ATTT	TATA	GGGT	AAGG	CTTT	ACAC	AGAT	AATA	TGGC	TAAA
1161	GGGG	AACC	CCCC	GAGA	TCTG	TCTG	TCTG	TCTG	TCTG	TCTG
1201	TCTG	TCTG	TATA	AAGG	TATA	TGGC	GAGA	GAGA	GAGA	AGTT
1241	AAGG	TGGC	AAGG	TCCC	AGGT	CCCA	AGAG	TAGA	TGGC	CTCT
1281	GGTT	TTAA	GGTT	GAGA	AGTT	GGGT	TATA	ACAC	TTAA	TATA
1321	AAAC	ATTT	TAAA	AAAT	CTTT	TATA	AACG	GGTT	ATTC	AAAG
1361	TGGC	CTCT	AACG	TATA	GGGT	AAGG	CTTT	GGGA	AATA	AACG

Fonte: Adaptado de Christensen (2013)

Vítima – Cromossomo 8

TCTG

1	CCCA	TATA	GGGT	AAGG	AATT	CCCT	CCTG	GAGA	TTCC	GGTT
41	AACC	AACG	AAAC	CCTT	TGGC	AACC	TCCC	AGTT	AGAT	CCCT
81	TTTC	AGTT	TCCC	AGGT	TTAA	TTTC	TTAA	GGTT	AACC	AAGG
121	GAGA	ATTT	GAGA	AGTT	CCCT	TTCC	AATA	AGTT	TATA	GGGG
161	AAGG	GGGG	TATA	GGGT	AAGG	CTTT	TCCC	CCCA	AGAT	AAAG
201	TGGG	AAAG	ATTT	TAGA	GGTT	ATTC	GAGA	CCTT	AAAG	GGAT
241	AAAG	CCCA	AGAG	AACG	AAAC	CCTT	AATT	TATA	CCTT	GGGT
281	GGAT	GGGT	TATA	TTTT	AATT	TGGG	GGGA	AATA	AACG	TTTT
321	GGGT	TATA	AACG	TGGC	CTCT	AACG	GGAA	AATT	CCCT	CCTG
361	TTTT	AGAT	TCCC	TAGA	TGGC	CTCT	AACG	AAAC	CCTT	ATTC
401	CCTG	AAGG	TTAA	ACAC	TTAA	TATA	TGGG	CCCA	ATTT	GGGT
441	ATTC	GGTT	AATA	CCCA	ATTT	GAGA	TTCC	GGTT	AACC	CTTT
481	GGGT	AAAC	TCCC	GGGG	AATT	GGGG	AAGG	CCTT	CCCT	TTCC
521	CTTT	TAGA	GGTT	ATTC	GAGA	CCTT	GGTT	TAGA	TGGC	CTCT
561	TCCC	AGGT	AATT	TGGG	CCCA	ATTT	AAAC	ACAC	TTAA	TATA
601	GAGA	AGTT	TAGA	GGTT	ATTC	GAGA	CCTT	CTTT	TTCC	ATTT
641	TGGC	CCCA	ATTT	GAGA	TTCC	GGGA	AATA	AACG	ATTT	TATA
681	TTAA	AGAT	TATA	AAAA	TTTA	CCCA	AGAG	AAAA	GGGG	AGAT
721	GAGA	TTCC	GGAT	AATT	TGGG	GGGT	TATA	CCCC	AAAG	CCCT
761	AAGG	CCGG	GGGT	AAAG	TTTT	TATA	AACG	GGTT	ATTC	AAGG
801	GGTT	ATTC	TTTT	CCCC	GATA	GATA	GATA	GATA	GATA	GATA
841	GATA	TGGC	GGGG							
881	GAGA	TTCC	ATTC	AAGG	TTAA	AAGG	AAGG	CCGG	TTAA	AAAG
921	AAGG	CTTT	GGGT	GGTT	AACC	TGGG	CCCA	ATTT	GAGA	TTCC
961	TGGG	ATTC	CTTT	TAAA	TTTC	TTCC	ATTT	GGTT	ATTC	CCCC
1001	GGTT	AACC	GGGA	AATA	AACG	CTTT	GGGG	AGAT	CCTT	TATA
1041	GGGG	AGTT	GAGA	TTCC	GGGG	ATTC	AAAG	TCCC	AAAA	AAGG
1081	AAAG	CCCA	AAGG	CCGG	AAAG	TAGA	TATA	TTAA	CTCT	GGTT
1121	ATTT	TATA	GGGT	AAGG	CTTT	ACAC	AGAT	AATA	TGGC	TAAA
1161	GGGG	AACC	CCCC	GAGA	TCTG	TCTG	TCTG	TCTG	TCTG	TCTG
1201	TCTG	GAGA	AGTT							
1241	AAGG	TGGC	AAGG	TCCC	AGGT	CCCA	AGAG	TAGA	TGGC	CTCT
1281	GGTT	TTAA	GGTT	GAGA	AGTT	GGGT	TATA	ACAC	TTAA	TATA
1321	AAAC	ATTT	TAAA	AAAT	CTTT	TATA	AACG	GGTT	ATTC	AAAG
1361	TGGC	CTCT	AACG	TATA	GGGT	AAGG	CTTT	GGGA	AATA	AACG

Fonte: Adaptado de Christensen (2013)

Vítima – Cromossomo 18

AGAA

1	TTCC	AAAT	TATA	GATA	AAGG	AATT	TCTC	TTTT	GGAA	CCCT
41	TATA	AATT	AGAA							
81	AGAA									
121	AGAA									
161	AGAA									
201	AGAA	AGAA	AGAG	AAGG	CCGG	AACG	AAAC	CCTT	CTTT	GGGT
241	TGGG	AAGG	TATA	TCCC	AGGT	AGTT	TCCC	AGGT	TTCC	GGTT
281	CTTT	AAAG	TCCC	TGGG	AAGG	TATA	AAGG	CCTT	TTAA	TATA
321	TTCC	TATA	TTAA	TGGC	GGGG	AGAT	GGGT	ACCT	TTTC	GATA
361	AATT	TTTT	AACC	CCTT	AAGG	CTCT	AACG	TTAA	CCTT	GGTT
401	ATTC	AGGT	AGTT	GGGT	GGGT	TATA	TGGG	AAGG	CCGG	CCAA
441	TGGG	AAGG	CCGG	GGGT	AAAG	AAAG	TCCC	TCCC	AGGT	TATA
481	TATA	AACC	TATA	CCCC	TTAA	TATA	TTAA	TATA	AAGG	CTTT
521	AGAT	TTCC	CCAT	TTGG	GGGG	AGGT	AGTT	AGAT	GGGT	TTCC

1	TTCC	AAAT	TATA	GATA	AAGG	AATT	TCTC	TTTT	GGAA	CCCT
41	TATA	AATT	AGAA							
81	AGAA									
121	AGAA	AGAA	CCGG	GGGT	AAAG	TTTC	AAAT	ACCT	ACCA	AACC
161	TTCC	TATA	TTAA	CCTT	CTCT	ACCT	AGGG	GGTT	TTTT	CCTT
201	TTAA	TTTA	AGAG	AAGG	CCGG	AACG	AAAC	CCTT	CTTT	GGGT
241	TGGG	AAGG	TATA	TCCC	AGGT	AGTT	TCCC	AGGT	TTCC	GGTT
281	CTTT	AAAG	TCCC	TGGG	AAGG	TATA	AAGG	CCTT	TTAA	TATA
321	TTCC	TATA	TTAA	TGGC	GGGG	AGAT	GGGT	ACCT	TTTC	GATA
361	AATT	TTTT	AACC	CCTT	AAGG	CTCT	AACG	TTAA	CCTT	GGTT
401	ATTC	AGGT	AGTT	AAGG	GGGT	TATA	TGGG	AAGG	CCGG	CCAA
441	TGGG	AAGG	CCGG	CCTT	AAAG	AAAG	TCCC	TCCC	AGGT	TATA
481	TATA	AACC	TATA	CCCC	TTAA	TATA	TTAA	TATA	AAGG	CTTT
521	AGAT	TTCC	CCAT	TTGG	GGGG	AGGT	AGTT	AGAT	GGGT	TTCC

Fonte: Adaptado de Christensen (2013)

Vítima – Cromossomo 13

D13S317 – TATC

1	AGGT	TTAA	AACC	CTTA	AGAG	TTTG	GGGG	ACCT	TATA	TTCC
41	CCTT	AACC	TTGG	AAAT	TATA	TTAT	AAAG	AACG	GATA	GGGG
81	GGGT	CCCT	AGGT	GGGT	TTCC	ACCT	TATA	TCCC	TATA	CCCC
121	ATTA	CCAT	AAAT	AAAA	AGAT	CAAT	AAAA	TTAA	AACG	TATA
161	AAAT	TATA	GGTT	TTTA	GGGT	TTTA	AGTT	GGGT	TATA	TTTA
201	TGGG	GATA	AACG	TTAA	CCTT	GGTT	TATA	CCTT	TTTT	AACC
241	TTTT	AACC	TGGG	AAGG	AAGG	CCTT	AGAT	GGGT	AGGT	AGTT
281	AGGT	AGTT	GGGG	AGGT	GGTT	AGGT	CCTT	CCGG	TATC	TATC
321	TATC	TATC	TATC	TGGC	GGGG	AGAT	AAGG	AGGT	GGGT	TTTT
361	TTTA	TTTT	AACC	AGTT	GGGT	GGGT	CCTT	CTCT	AACG	GGTT
401	AAGG	AGGT	AGTT	AACG	AACG	CCTT	CCGG	CCCT	CCTT	ATAT
441	AAAG	GGGG	AGGT	TCCC	CTCT	AAGG	AGGT	CCAT	AAGG	AATT
481	CCTT	CTCT	AGTT	TTAA	TATA	GGTT	AAAT	TATA	AACG	TTAA
521	GGGT	CCGG	TATA	AATA	CCGG	CCTT	CCTT	TTTT	TGGG	AAGG
561	AACG	AGGT	AGAT	TCCC	AGGT	AGGT	AAGG	AGTT	GGGT	GGGT
601	AAAA	CCTT	TATA	AAAA	TGGC	GGGG	AGAT	TTAA	AACG	GGTT
641	CCCT	GGGT	TTTA	TCCC	TATA	GGGT	TTTA	CCGG	TCCC	CCTT
681	CCAT	CCTT	TATA	TTAA	AACG	AACG	AAGG	AGGT	TTAA	AAGG
721	TATA	AAGG	GATA	GGGT	TATA	ACCT	AAAG	CCCT	AATA	GGTT
761	AACG	TTAA	GCTT	GGGG	AGGT	AACG	AGTT	CCAT	TCCC	CCTT
801	TGGG	AAGG	CCTT	TTTT	AACC	TTTT	TATA	TATA	ACCT	AGGT
841	AAAT	TATA	GGGT	AGGT	AGTT	TTAA	AGAT	TTTT	TATA	CCTT
881	AGTT	GGGT	GGGT	TGGC	GGGG	AGAT	CCTT	CTCT	TTTA	AAGG

1	AGGT	TTAA	AACC	CTTA	AGAG	TTTG	GGGG	ACCT	TATA	TTCC
41	CCTT	AACC	TTGG	AAAT	TATA	TTAT	AAAG	AACG	GATA	GGGG
81	GGGT	CCCT	AGGT	GGGT	TTCC	ACCT	TATA	TCCC	TATA	CCCC
121	ATTA	CCAT	AAAT	AAAA	AGAT	CAAT	AAAA	TTAA	AACG	TATA
161	AAAT	TATA	GGTT	TTTA	GGGT	TTTA	AGTT	GGGT	TATA	TTTA
201	TGGG	GATA	AACG	TTAA	CCTT	GGTT	TATA	CCTT	TTTT	AACC
241	TTTT	AACC	TGGG	AAGG	AAGG	CCTT	AGAT	GGGT	AGGT	AGTT
281	AGGT	AGTT	GGGG	AGGT	GGTT	AGGT	CCTT	CCGG	TATC	TATC
321	TATC									
361	TATC	TATC	TATC	AGTT	GGGT	GGGT	CCTT	CTCT	AACG	GGTT
401	AAGG	AGGT	AGTT	AACG	AACG	CCTT	CCGG	CCCT	CCTT	ATAT
441	AAAG	GGGG	AGGT	TCCC	CTCT	AAGG	AGGT	CCAT	AAGG	AATT
481	CCTT	CTCT	AGTT	TTAA	TATA	GGTT	AAAT	TATA	AACG	TTAA
521	GGGT	CCGG	TATA	AATA	CCGG	CCTT	CCTT	TTTT	TGGG	AAGG
561	AACG	AGGT	AGAT	TCCC	AGGT	AGGT	AAGG	AGTT	GGGT	GGGT
601	AAAA	CCTT	TATA	AAAA	TGGC	GGGG	AGAT	TTAA	AACG	GGTT
641	CCCT	GGGT	TTTA	TCCC	TATA	GGGT	TTTA	CCGG	TCCC	CCTT
681	CCAT	CCTT	TATA	TTAA	AACG	AACG	AAGG	AGGT	TTAA	AAGG
721	TATA	AAGG	GATA	GGGT	TATA	ACCT	AAAG	CCCT	AATA	GGTT
761	AACG	TTAA	GCTT	GGGG	AGGT	AACG	AGTT	CCAT	TCCC	CCTT
801	TGGG	AAGG	CCTT	TTTT	AACC	TTTT	TATA	TATA	ACCT	AGGT
841	AAAT	TATA	GGGT	AGGT	AGTT	TTAA	AGAT	TTTT	TATA	CCTT
881	AGTT	GGGT	GGGT	TGGC	GGGG	AGAT	CCTT	CTCT	TTTA	AAGG

Fonte: Adaptado de Christensen (2013)

APÊNDICE D – INSTRUMENTAL DE ELETROFORESE CAPILAR

Perfil genético (DNA *fingerprinting*)

Grupo: _____



Simulação de eletroforese capilar

Núm. de bases	Suspeito 1	Suspeito 2	Ex-esposa do suspeito 3
b			
10			
20			
30			
40			
50			
60			
70			
80			
90			
100			
110			
120			
130			
140			
150			
160			
170			
180			
190			
200			
Laser →			

Perfil genético (DNA *fingerprinting*)

Grupo: _____



Simulação de eletroforese capilar

Núm. de bases	Filho 1	Filho 2	Filho 3	Filho 4
b				
10				
20				
30				
40				
50				
60				
70				
80				
90				
100				
110				
120				
130				
140				
150				
160				
170				
180				
190				
200				
Laser →				

Perfil genético (DNA *fingerprinting*)

Grupo: _____



Simulação de eletroforese capilar

Núm. de bases	Vítima	Celular	Garrafa (Gargalo)	Garrafa (Fundo quebrado)
b				
10				
20				
30				
40				
50				
60				
70				
80				
90				
100				
110				
120				
130				
140				
150				
160				
170				
180				
190				
200				
Laser →	<input type="checkbox"/>			

APÊNDICE E - PRODUTO EDUCACIONAL SEQUÊNCIA DIDÁTICA DNA FORENSE



ÂNIA PATRÍCIA BEVENUTO DA SILVA

APRESENTAÇÃO

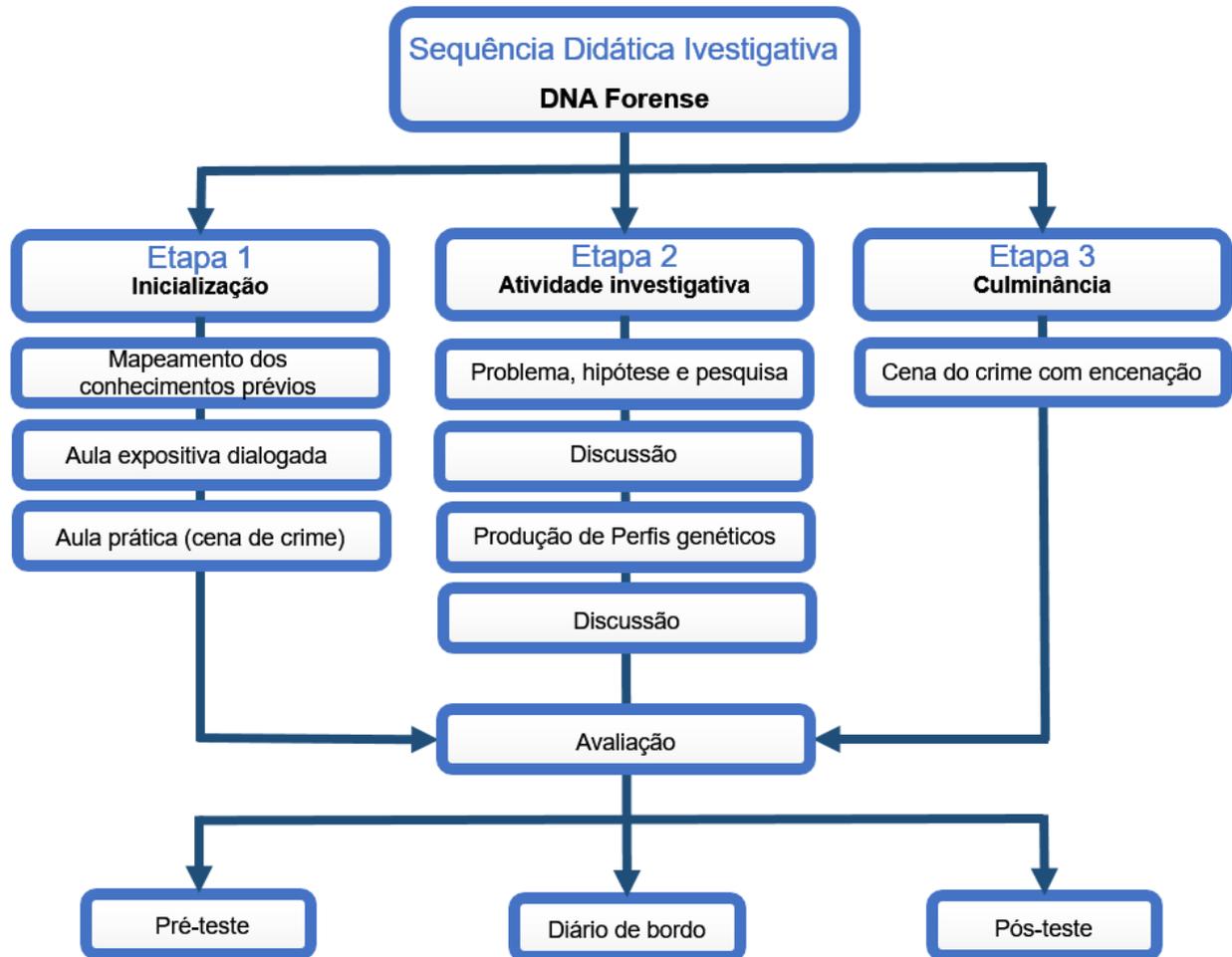
Esta sequência didática (SD) é proveniente do Trabalho de Conclusão de Mestrado da autora que, por sua vez, tem o intuito de auxiliar professores no ensino de Biologia, em turmas do terceiro ano do ensino médio. Esta proposta oferece uma estrutura de trabalho que utiliza o DNA forense como ferramenta auxiliar para o ensino de temas básicos de genética mendeliana e molecular.

A SD foi elaborada, aplicada e revisada pela autora para torná-la adequada às necessidades da educação básica. Desse modo, a SD é replicável, com etapas e atividades que podem ser simplificadas ou suprimidas para a adaptação às diversas realidades das escolas. O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001. A seguir, apresentamos todas as etapas e os detalhes pertinentes à SD.

SEQUÊNCIA DIDÁTICA

Essa SD contempla 12 horas/aulas de cinquenta minutos, divididas em três etapas. De forma sintetizada, a sequência didática está disposta na forma de fluxograma, disposta, a seguir (Figura 1):

Figura 1 - Fluxograma da dinâmica das atividades da sequência didática.



Para desenvolver a sequência didática é recomendável que o professor tenha noções sobre: Identificação humana; DNA *fingerprinting*; Técnicas de DNA forense (PCR (Reação em cadeia da Polimerase) e Eletroforese capilar).

Fonte: Autoria própria.

Etapa 1

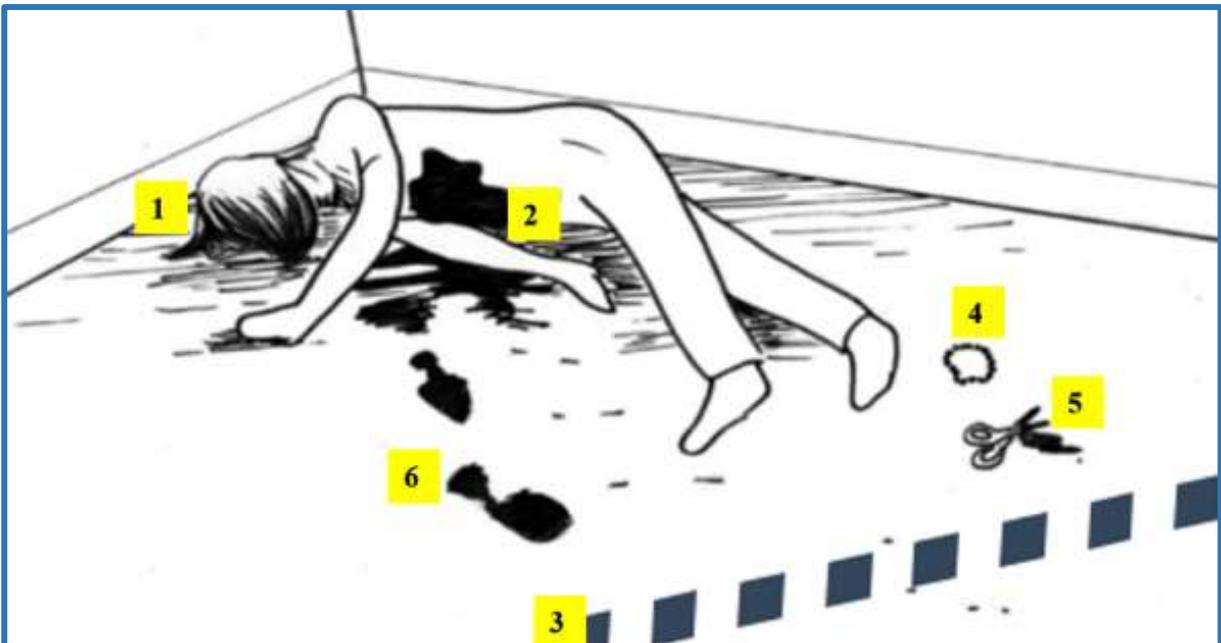
Detalhamento das etapas:

Na etapa 1 – denominada de “Inicialização” – serão necessárias três horas/aula de cinquenta minutos cada. As Concepções prévias dos estudantes poderão ser mapeadas partindo de um questionário, com questões objetivas de testes aplicados em vestibulares de Instituições de Ensino Superior brasileiras, e do Exame Nacional do Ensino Médio (ENEM), com abordagem dos seguintes conceitos-chave: Replicação do DNA; Genética mendeliana e meiose; DNA *fingerprinting*; Teste de paternidade e PCR.

A Contextualização e o embasamento teórico deverão ocorrer por meio de aulas expositivas. Tais aulas serão dialogadas e ministradas com a projeção de *slides* em quadro branco, com a abordagem dos seguintes temas: localização do DNA na célula; cromossomos; estrutura do DNA; diferença entre DNA e RNA; replicação do DNA; genética mendeliana; meiose; DNA mitocondrial e a citação de caso em que um crime foi solucionado com o auxílio do DNA.

A Aula prática deverá ocorrer na própria sala de aula, uma cena de crime construída pelo próprio professor (Figura 2).

Figura 2 - Esquema da cena do crime a ser criado em sala de aula, com as indicações de materiais utilizados.



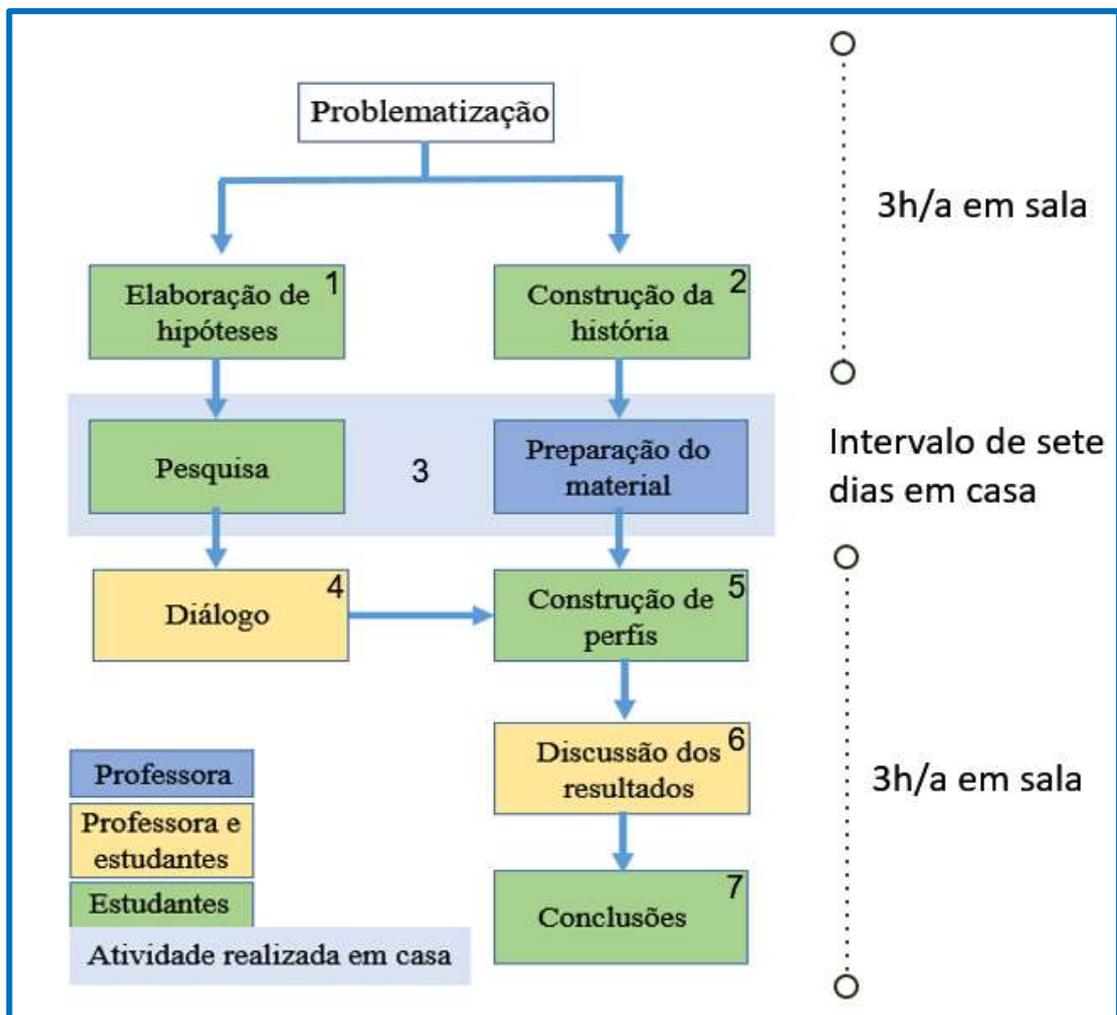
Fonte: Autoria própria.

Materiais: (1) Boneca; (2) sangue falso (Ketchup); (3) fita zebraada isolando a área; (4) bijuteria; (5) tesoura; e, (6) pegadas feitas com o sangue falso.

Etapa 2

A etapa 2 – denominada de “Atividade investigativa” – deverá ocorrer em seis horas/aula divididas em dois momentos, com o intervalo de sete dias entre um e outro (Figura 3).

Figura 3 - Apresentação e sequência das ações, a partir da problematização com indicação dos participantes por cor e tempo para a realização das atividades.



Fonte: Autoria própria.

Os estudantes deverão ser divididos em grupos com, no máximo, quatro componentes. Cada grupo receberá um material de apoio (Figura 4). Nesse material, encontra-se a pergunta norteadora da atividade investigativa e, a partir dessa problematização, os grupos deverão escrever suas hipóteses e pesquisar – no intervalo de sete dias – sobre o tema, a fim de confirmar

ou descartar a hipótese, enquanto o professor deverá preparar os instrumentais para a construção dos perfis.

Para o crime a ser investigado, o professor que desejar aplicar essa sequência didática poderá usar a história sugerida no material, ou utilizá-la como base para que o estudante crie sua própria história de um crime, desde que o professor escolha secretamente o culpado, a fim de não desvendar o mistério antes da construção dos perfis.

Figura 4 - Material para a problematização, e o embasamento para construir a cena do crime fictício.

Como identificar o autor do delito por meio do DNA?

Vítima
Matias

Algoz
?

Suspeito 1
Jorge

Suspeito 2
Carlos

Suspeito 3
Marcos

Testemunha 1
Proprietário do bar

Testemunha 2
Vizinho do bar

Testemunhas e suspeitos:

Testemunha 1 (Proprietário do bar)

“Estava limpando as mesas, já estava preparando para fechar, quando chegou um homem magro, com estatura mediana aparentava ter uns vinte e poucos anos. Foi em direção ao Matias, falaram baixo algumas palavras e o esfaqueou, jogou a faca e saiu correndo tão rápido que perdeu um dos chinelos. A única coisa que eu ouvi foi: ‘Agora está pago’. O Matias foi pego de surpresa, nem deu tempo de defender-se.”

Testemunha 2 (Vizinho do bar)

“Estava sentado num banco da praça e ouvi um barulho estranho no bar, olhei e vi quando um homem saiu correndo em direção a um carro que estava parado, um carro tipo sedan prata, não sei identificar nem a marca do carro nem a placa, foi muito rápido. Um homem magro, entrou no carro e saíram rapidamente”.

Suspeito 1: Jorge

Foi reconhecido pelo proprietário do bar.
Motivação para cometer o crime: a vítima devia dinheiro ao suposto algoz, este cobrava a dívida insistentemente, havia desentendimento constante entre eles.

Suspeito 3: Marcos (Foragido)

Descrição física corresponde com o depoimento das testemunhas
Motivação: Teve oportunidade para cometer o crime, pois teria visto o dinheiro sobre a mesa. Era conhecido por praticar assaltos na região e assassinava quem reagia ou negasse entregar o que ele exigia.

Suspeito 2: Carlos

A descrição física corresponde.
Motivação para cometer o crime: Um desentendimento entre as famílias deles no passado.

Elaboração de hipóteses.

Base para a história e determinação de número de perfis genéticos a serem construídos.

Fonte: Autoria própria.

A partir desse material de apoio, o número de perfis, a serem construídos a partir dos

vestígios biológicos, está disposto no (Quadro 1). Com o intuito de tornar a atividade mais desafiadora, foi levado em consideração – na elaboração desta SD – o DNA de toque (vestígio deixado pelo criminoso no chinelo esquecido e cabo da faca) e, ainda, um suspeito foragido em que teve o perfil reconstruído a partir de amostras de DNA de ex-esposa e filhos (VAN OORSCHOT; JONES, 1997; JOBIM *et al.*, 2018).

Quadro 1 - Simulação de alelos com respectivas sequências nucleotídicas e cores para a construção de perfis genéticos

Cromossomo	Loci	Sequências	Cores	Perfis: repetições nas versões de alelos											
				1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
				Faca (lâmina)	Faca	Vítima	Chinelo	Suspeito 1	Suspeito 2	Suspeito 3(Foragido)	Ex-esposa(Suspeito3)	Filho 1 (Suspeito3)	Filho 2 (Suspeito3)	Filho 3 (Suspeito3)	Filho 4 (Suspeito3)
5	D5S818	AGAT	Amarelo	10	18	10	18	4	18	11	11	11	11	11	11
				25	4	25	4	10	4	12	11	12	11	12	12
8	D8S1179	TCTG	Vermelho	8	7	8	7	14	7	11	14	11	11	14	14
				14	12	14	12	11	12	16	14	14	14	16	16
13	D13S317	TATC	Azul	5	8	5	8	5	8	12	11	12	11	11	12
				15	8	15	8	12	8	12	13	13	12	12	13
18	D18S51	AGAA	Verde	40	35	40	35	13	35	13	15	13	15	16	13
				20	30	20	30	19	30	16	19	15	16	19	19

Fonte: Autoria própria.

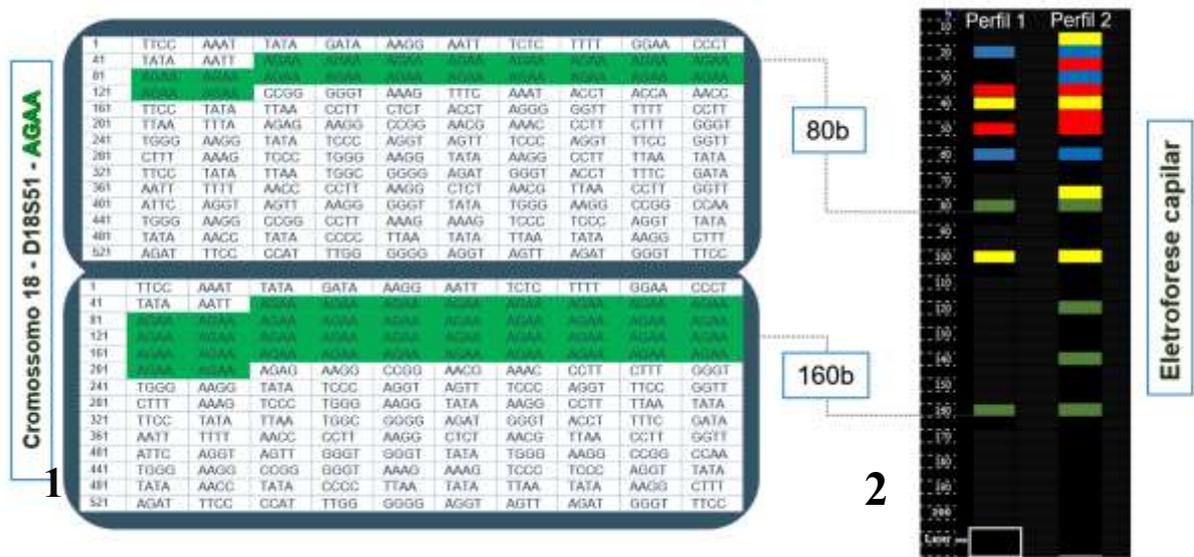
Para cada perfil, deverão ser utilizados: lápis de cor, um bloco de folhas de ofício com a simulação de quatro pares de cromossomos e informações sobre a origem da amostra, o número de cromossomos, as sequências de bases do marcador e a cor que deveria ser utilizada. No instrumental de eletroforese, cada coluna corresponde a um perfil que deverá ser identificado quanto à origem da amostra de DNA (Figura 5).

Após o intervalo de sete dias, deverão ser analisados os resultados das pesquisas de cada grupo, identificadas as dificuldades encontradas e, por fim, esclarecidos os pontos que não forem compreendidos. Segue-se a construção dos perfis genéticos. Os grupos deverão receber as folhas de papel ofício com as representações de pares dos cromossomos e a identificação dos

respectivos *loci* e cor, com a intenção de simular um marcador e a separação, por tamanho, dos fragmentos de DNA em eletroforese capilar.

Os estudantes analisam as sequências nas representações de cromossomos, marcam as sequências repetidas com as cores indicadas para cada uma delas, determinam os números de bases marcadas e inserem as bandas coloridas com um lápis de cor no local correspondente ao número de bases na simulação de eletroforese capilar (figura 5).

Figura 5 - Modelo de preenchimento de instrumentais para a produção de perfis genéticos



Fonte: Autoria própria.

Legenda: (1) Sequências de nucleotídeos com 40 repetições “AGAA” marcadas em verde, na representação de uma das versões do cromossomo 18; (2) Simulação de separação de fragmentos de DNA em eletroforese capilar, destacando uma banda preenchida em verde com o número correspondente de bases – 80 e 160 - encontradas no instrumental (1).

A reconstrução do perfil do suspeito foragido deverá ser realizado com a participação de todos os estudantes. Para unificar as informações, os estudantes deverão verificar e citar para os colegas as repetições dos perfis da ex-esposa e dos filhos do foragido. Recomenda-se criar um quadro em que seja possível agrupar as repetições de todos os perfis envolvidos para facilitar a reconstrução, de forma que todos possam acompanhar o procedimento (Quadro 2). À medida que cada grupo citar o número de repetições nos perfis que construíram, as lacunas do quadro deverão ser preenchidas até que reste apenas o suspeito três para construir. Nesse ponto da atividade, os estudantes deverão buscar os alelos que os filhos herdaram da mãe e deduzir que o que restar serão os alelos que pertenciam ao pai, ou seja, o suspeito 3 (Quadro 2).

Quadro 2 - Quadro que demonstra a reconstrução do perfil do suspeito 3.

<i>Loci</i>	Ex-esposa	Filho 1	Filho 2	Filho 3	Filho 4	Suspeito 3
D5S818	11,11	11,12	11,11	11,12	11,12	11,12
D8S1179	14,14	11,14	11,14	14,16	14,16	11,16
D13S317	11,13	12,13	11,12	12,13	12,13	12,12
D18S51	15,19	13,15	15,16	13,19	13,19	13,16

Fonte: Autoria própria.

Após a construção de todos os perfis, os instrumentais de eletroforese deverão ser unidos, lado a lado, para que possa ser feito o confronto e determinar o algoz. Espera-se que os estudantes identifiquem que o perfil encontrado na arma do crime pertence ao suspeito 2. Assim sendo, este esteve na cena do crime, manuseou a arma do crime e deverá ser considerado o culpado. O professor deverá reservar um momento para discussão com o propósito de interpretar os resultados e relacionar a atividade com os temas básicos de genética mendeliana e molecular implícitos.

Etapa 3

Na etapa 3 (a culminância), será disponibilizado um tempo de três aulas, de 50 minutos cada, para os estudantes construírem um cenário com a cena do crime e um Instituto de Genética, vestirem os figurinos e ensaiarem os procedimentos que utilizarão na encenação da análise da cena, além de explicarem como construíram os perfis e chegaram ao culpado. Se o professor desejar, os estudantes poderão receber o distintivo de brinquedo ou confeccionar um modelo com EVA (Acetato de Vinila), simbolizando que estão prontos para atuarem como peritos. Por fim, eles deverão fazer uma apresentação dos resultados da atividade executada para a comunidade escolar, com uma encenação de 10 minutos.

Sugere-se que a avaliação seja realizada ao longo das atividades, verificando a escrita de um diário de bordo por grupo e, além disso, nos momentos de discussão em que são expressas as dificuldades e dúvidas dos estudantes. Para a avaliação individual, poderão ser utilizados um pré-teste e um pós-teste, disponíveis como material de apoio desta SD.

MATERIAIS DE APOIO

Para a preparação dos materiais para a construção dos perfis genéticos, o professor poderá seguir os seguintes passos:

- i) Copie os quadros com as representações de sequencias nucleotídicas da vítima;

Vítima - Cromossomo 5 - D5S818 – **AGAT**

1	TAGA	CCTT	AAAC	TTTA	CCCT	AAAA	TTCC	CTCT	TCTC	CCCT
41	TCCT	TTTG	GGGA	AAAC	CAAT	TCCC	AGGT	TATA	AAAC	TTTC
81	GGGT	AAAT	TTGG	CCTT	AACG	GAGA	AGTT	TTTC	CCTT	TAAC
121	TCCC	TTGG	AAAG	ATTT	AAAT	GGAA	TTGG	GGTT	ATAT	TTTT
161	TTTT	AAGG	AAAC	AATT	GGGA	TATA	GAGA	GATA	TAGA	CCTT
201	TTCC	CCTA	AAAC	TTTA	CCCT	ACAC	ACAT	ATAT	AAAT	GGGA
241	GGGG	TTTC	CCCC	AATT	TTTT	AGGG	AGTT	AGAG	TTTC	GAGA
281	ATAT	ATAT	AAAT	CCCA	ATTT	AGGG	GGAT	AATT	TTTC	CCCC
321	TATA	CCCT	TCCC	CCGG	GGGG	TACG	TGGG	GTTT	ATAT	TATA
361	CTCT	CTCT	TCTC	CCCT	AAAG	GGGA	CCTT	AGAG	GAGA	AAGG
401	ATCC	CCTT	TTAA	AATT	TCCC	TATA	CTTT	TATA	AAGG	GGTT
441	AAAT	TGGC	CCTG	GGTT	TTAA	AACG	AAAC	CCTT	TAGA	TAAA
481	GGGT	TTAA	TTTT	AACC	GGGT	TATA	TTAA	ATAT	ATCT	CTTT
521	GAGA	GGGT	AATA	ATTT	AGAG	GGGG	AAAA	TTCC	CCTT	AATT
561	TATA	TAAA	TCCC	CACA	CTCT	TGTG	GGTT	TTGG	AGAG	ATGA
601	ATCC	CCTT	TTAA	TCCC	TATA	CTTT	TATA	TTA	AAAC	CCCC
641	AAAT	TTTT	CCTG	GAGA	TACA	ATAT	CCTT	GGGA	CCGG	TATA
681	GGGT	TTAA	TTTT	AAGG	TCCC	GAGA	CTTT	TATA	CCCT	CTCT
721	GAGA	GGGA	AAAT	CCTT	GGGA	AAGG	CCCA	ATTT	AATT	ATCC
761	TATA	TAAA	TCCC	CCTT	TATA	TAGA	AACC	GGGT	TATA	AAAT
801	TTGG	TGGC	CCTG	CTTT	AGAT	AGAT	AGAT	AGAT	AGAT	AGAT
841	AGAT	AGAT	AGAT	AGAT	TGGG	GTTT	CCTT	TATA	CTTT	TATA
881	CCCC	AATT	TGGC	CCTG	CCTT	AGAG	CTTT	AACG	AAAC	CCTT
921	AAAT	CCCA	CCCA	ATTT	AGGG	GGAT	AATT	TTTC	CCCC	AATT
961	ATAT	CCTT	CCGG	ATAT	AACC	GGGT	TATA	TCTC	GGGT	AATA
1001	GAGA	CTTT	CCCT	GAGA	TTAA	TTTT	GGTT	TTAA	TAAA	TCCC
1041	AAGG	AAAT	AATT	AAGG	TGGC	CCTG	AACC	GGGT	AAAG	TGGC
1081	TAGA	TGGC	CTCT	TAGA	GGTT	ATTC	GAGA	CCTT	GGGA	TTAA
1121	ACAC	TTAA	TATA	CTTT	TATA	GGGT	AAGG	CTTT	TATA	GGGT
1161	CCGG	GGGT	TCCC	TCCC	TATA	CTTT	TATA	TTTC	AACG	TAAA
1201	CCCT	TAAA	TTAA	GGGA	AATA	AACG	AAAC	CCTT	TAGA	TAAA
1241	AATT	GGTT	AGTT	TATA	TCCC	AACC	GGGT	TATA	TATA	TCCC
1281	CCCA	ATTT	AGGG	GGAT	AATT	TTTC	CCCC	ATGG	CTCT	TTAA
1321	TTTA	TATA	CCCA	ATTT	GAGA	TTCC	GAGA	CCTT	ATCC	TGGG
1361	GGGA	CTCT	CCCC	AATT	AAGG	CCGG	AAGG	CTTT	AAAT	TGTG
1401	TATA	ATCC	AAAT	CCCA	AGAG	CCCT	TGGG	GTTT	GGTT	TTAA
1441	AACG	AAAT	AACC	GGGT	TATA	AATT	CCTT	AGAG	AACC	GGGT
1481	AGGT	TATA	CTTT	TATA	AACG	AAAC	CCTT	TAGA	TAAA	AAAA
1521	CCTT	AACG	AAAC	CCTT	TTGG	CCGG	TTTG	TCCC	TTTC	GGGA
1561	CTTT	AACC	TCCC	TGGC	CCTG	CCCT	TTCC	TTAA	ATTG	TATA
1601	GGTT	TTAA	TTAA	CCCC	AATT	AATT	GGGT	AATA	GGGT	AACG
1641	AACC	GGGT	ACTT	AAAT	CCCA	AGGT	TAAA	TCCC	CCCA	ATTT
1681	CTCT	CTTT	AATT	AAGG	ATCC	GAGA	TCCC	TATA	TAAA	CCCA
1721	TATA	GTTT	CCCA	AGAG	AAAT	AAGG	TTAA	AAAC	TAAA	CCCC

Fonte: Adaptado de Christensen (2013)

Vítima - Cromossomo 5 - D5S818 - **AGAT**

1	TAGA	CCTT	AAAC	TTTA	CCCT	AAAA	TTCC	CTCT	TCTC	CCCT
41	TCCT	TTTG	GGGA	AAAC	CAAT	TCCC	AGGT	TATA	AAAC	TTTC
81	GGGT	AAAT	TTGG	CCTT	AACG	GAGA	AGTT	TTTC	CCTT	TAAC
121	TCCC	TTGG	AAAG	ATTT	AAAT	GGAA	TTGG	GGTT	ATAT	TTTT
161	TTTT	AAGG	AACC	AATT	GGGA	TATA	GAGA	GATA	TAGA	CCTT
201	TTCC	CCTA	AAAC	TTTA	CCCT	ACAC	ACAT	ATAT	AAAT	GGGA
241	GGGG	TTTC	CCCC	AATT	TTTT	AGGG	AGTT	AGAG	TTTC	GAGA
281	ATAT	ATAT	AAAT	CCCA	ATTT	AGGG	GGAT	AATT	TTTC	CCCC
321	TATA	CCCT	TCCC	CCGG	GGGG	TACG	TGGG	GTTT	ATAT	TATA
361	CTCT	CTCT	TCTC	CCCT	AAAG	GGGA	CCTT	AGAG	GAGA	AAGG
401	ATCC	CCTT	TTAA	AATT	TCCC	TATA	CTTT	TATA	AAGG	GGTT
441	AAAT	TGGC	CCTG	GGTT	TTAA	AACG	AAAC	CCTT	TAGA	TAAA
481	GGGT	TTAA	TTTT	AACC	GGGT	TATA	TTAA	ATAT	ATCT	CTTT
521	GAGA	GGGT	AATA	ATTT	AGAG	GGGG	AAAA	TTCC	CCTT	AATT
561	TATA	TAAA	TCCC	CACA	CTCT	TGTG	GGTT	TTGG	AGAG	ATGA
601	ATCC	CCTT	TTAA	TCCC	TATA	CTTT	TATA	TTTA	AAAC	CCCC
641	AAAT	TTTT	CCTG	GAGA	TACA	ATAT	CCTT	GGGA	CCGG	TATA
681	GGGT	TTAA	TTTT	AAGG	TCCC	GAGA	CTTT	TATA	CCCT	CTCT
721	GAGA	GGGA	AAAT	CCTT	GGGA	AAGG	CCCA	ATTT	AATT	ATCC
761	TATA	TAAA	TCCC	CCTT	TATA	TAGA	AACC	GGGT	TATA	AAAT
801	TTGG	TGGC	CCTG	CTTT	AGAT	AGAT	AGAT	AGAT	AGAT	AGAT
841	AGAT									
881	AGAT	CCTT								
921	AAAT	CCCA	CCCA	ATTT	AGGG	GGAT	AATT	TTTC	CCCC	AATT
961	ATAT	CCTT	CCGG	ATAT	AACC	GGGT	TATA	TCTC	GGGT	AATA
1001	GAGA	CTTT	CCCT	GAGA	TTAA	TTTT	GGTT	TTAA	TAAA	TCCC
1041	AAGG	AAAT	AATT	AAGG	TGGC	CCTG	AACC	GGGT	AAAG	TGGC
1081	TAGA	TGGC	CTCT	TAGA	GGTT	ATTC	GAGA	CCTT	GGGA	TTAA
1121	ACAC	TTAA	TATA	CTTT	TATA	GGGT	AAGG	CTTT	TATA	GGGT
1161	CCGG	GGGT	TCCC	TCCC	TATA	CTTT	TATA	TTTC	AACG	TAAA
1201	CCCT	TAAA	TTAA	GGGA	AATA	AACG	AAAC	CCTT	TAGA	TAAA
1241	AATT	GGTT	AGTT	TATA	TCCC	AACC	GGGT	TATA	TATA	TCCC
1281	CCCA	ATTT	AGGG	GGAT	AATT	TTTC	CCCC	ATGG	CTCT	TTAA
1321	TTTA	TATA	CCCA	ATTT	GAGA	TTCC	GAGA	CCTT	ATCC	TGGG
1361	GGGA	CTCT	CCCC	AATT	AAGG	CCGG	AAGG	CTTT	AAAT	TGTG
1401	TATA	ATCC	AAAT	CCCA	AGAG	CCCT	TGGG	GTTT	GGTT	TTAA
1441	AACG	AAAT	AACC	GGGT	TATA	AATT	CCTT	AGAG	AACC	GGGT
1481	AGGT	TATA	CTTT	TATA	AACG	AAAC	CCTT	TAGA	TAAA	AAAA
1521	CCTT	AACG	AAAC	CCTT	TTGG	CCGG	TTTG	TCCC	TTTC	GGGA
1561	CTTT	AACC	TCCC	TGGC	CCTG	CCCT	TTCC	TTAA	ATTG	TATA
1601	GGTT	TTAA	TTAA	CCCC	AATT	AATT	GGGT	AATA	GGGT	AACG
1641	AACC	GGGT	ACTT	AAAT	CCCA	AGGT	TAAA	TCCC	CCCA	ATTT
1681	CTCT	CTTT	AATT	AAGG	ATCC	GAGA	TCCC	TATA	TAAA	CCCA
1721	TATA	GTTT	CCCA	AGAG	AAAT	AAGG	TTAA	AAAC	TAAA	CCCC

Fonte: Adaptado de Christensen (2013)

Vítima - Cromossomo 8 - **TCTG**

1	CCCA	TATA	GGGT	AAGG	AATT	CCCT	CCTG	GAGA	TTCC	GGTT
41	AACC	AACG	AAAC	CCTT	TGGC	AACC	TCCC	AGTT	AGAT	CCCT
81	TTTC	AGTT	TCCC	AGGT	TTAA	TTTC	TTAA	GGTT	AACC	AAGG
121	GAGA	ATTT	GAGA	AGTT	CCCT	TTCC	AATA	AGTT	TATA	GGGG
161	AAGG	GGGG	TATA	GGGT	AAGG	CTTT	TCCC	CCCA	AGAT	AAAG
201	TGGG	AAAG	ATTT	TAGA	GGTT	ATTC	GAGA	CCTT	AAAG	GGAT
241	AAAG	CCCA	AGAG	AACG	AAAC	CCTT	AATT	TATA	CCTT	GGGT
281	GGAT	GGGT	TATA	TTTT	AATT	TGGG	GGGA	AATA	AACG	TTTT
321	GGGT	TATA	AACG	TGGC	CTCT	AACG	GGAA	AATT	CCCT	CCTG
361	TTTT	AGAT	TCCC	TAGA	TGGC	CTCT	AACG	AAAC	CCTT	ATTC
401	CCTG	AAGG	TTAA	ACAC	TTAA	TATA	TGGG	CCCA	ATTT	GGGT
441	ATTC	GGTT	AATA	CCCA	ATTT	GAGA	TTCC	GGTT	AACC	CTTT
481	GGGT	AAAC	TCCC	GGGG	AATT	GGGG	AAGG	CCTT	CCCT	TTCC
521	CTTT	TAGA	GGTT	ATTC	GAGA	CCTT	GGTT	TAGA	TGGC	CTCT
561	TCCC	AGGT	AATT	TGGG	CCCA	ATTT	AAAC	ACAC	TTAA	TATA
601	GAGA	AGTT	TAGA	GGTT	ATTC	GAGA	CCTT	CTTT	TTCC	ATTT
641	TGGC	CCCA	ATTT	GAGA	TTCC	GGGA	AATA	AACG	ATTT	TATA
681	TTAA	AGAT	TATA	AAAA	TTTA	CCCA	AGAG	AAAA	GGGG	AGAT
721	GAGA	TTCC	GGAT	AATT	TGGG	GGGT	TATA	CCCC	AAAG	CCCT
761	AAGG	CCGG	GGGT	AAAG	TTTT	TATA	AACG	GGTT	ATTC	AAGG
801	GGTT	ATTC	TTTT	CCCC	GATA	GATA	GATA	GATA	GATA	GATA
841	GATA	GATA	CCTG	TATA	TGGC	GAGA	GAGA	TTCC	TGGC	GGGG
881	GAGA	TTCC	ATTC	AAGG	TTAA	AAGG	AAGG	CCGG	TTAA	AAAG
921	AAGG	CTTT	GGGT	GGTT	AACC	TGGG	CCCA	ATTT	GAGA	TTCC
961	TGGG	ATTC	CTTT	TAAA	TTTC	TTCC	ATTT	GGTT	ATTC	CCCC
1001	GGTT	AACC	GGGA	AATA	AACG	CTTT	GGGG	AGAT	CCTT	TATA
1041	GGGG	AGTT	GAGA	TTCC	GGGG	ATTC	AAAG	TCCC	AAAA	AAGG
1081	AAAG	CCCA	AAGG	CCGG	AAAG	TAGA	TATA	TTAA	CTCT	GGTT
1121	ATTT	TATA	GGGT	AAGG	CTTT	ACAC	AGAT	AATA	TGGC	TAAA
1161	GGGG	AACC	CCCC	GAGA	TCTG	TCTG	TCTG	TCTG	TCTG	TCTG
1201	TCTG	TCTG	TATA	AAGG	TATA	TGGC	GAGA	GAGA	GAGA	AGTT
1241	AAGG	TGGC	AAGG	TCCC	AGGT	CCCA	AGAG	TAGA	TGGC	CTCT
1281	GGTT	TTAA	GGTT	GAGA	AGTT	GGGT	TATA	ACAC	TTAA	TATA
1321	AAAC	ATTT	TAAA	AAAT	CTTT	TATA	AACG	GGTT	ATTC	AAAG
1361	TGGC	CTCT	AACG	TATA	GGGT	AAGG	CTTT	GGGA	AATA	AACG

Fonte: Adaptado de Christensen (2013)

Vítima - Cromossomo 8 - **TCTG**

1	CCCA	TATA	GGGT	AAGG	AATT	CCCT	CCTG	GAGA	TTCC	GGTT
41	AACC	AACG	AAAC	CCTT	TGGC	AACC	TCCC	AGTT	AGAT	CCCT
81	TTTC	AGTT	TCCC	AGGT	TTAA	TTTC	TTAA	GGTT	AACC	AAGG
121	GAGA	ATTT	GAGA	AGTT	CCCT	TTCC	AATA	AGTT	TATA	GGGG
161	AAGG	GGGG	TATA	GGGT	AAGG	CTTT	TCCC	CCCA	AGAT	AAAG
201	TGGG	AAAG	ATTT	TAGA	GGTT	ATTC	GAGA	CCTT	AAAG	GGAT
241	AAAG	CCCA	AGAG	AACG	AAAC	CCTT	AATT	TATA	CCTT	GGGT
281	GGAT	GGGT	TATA	TTTT	AATT	TGGG	GGGA	AATA	AACG	TTTT
321	GGGT	TATA	AACG	TGGC	CTCT	AACG	GGAA	AATT	CCCT	CCTG
361	TTTT	AGAT	TCCC	TAGA	TGGC	CTCT	AACG	AAAC	CCTT	ATTC
401	CCTG	AAGG	TTAA	ACAC	TTAA	TATA	TGGG	CCCA	ATTT	GGGT
441	ATTC	GGTT	AATA	CCCA	ATTT	GAGA	TTCC	GGTT	AACC	CTTT
481	GGGT	AAAC	TCCC	GGGG	AATT	GGGG	AAGG	CCTT	CCCT	TTCC
521	CTTT	TAGA	GGTT	ATTC	GAGA	CCTT	GGTT	TAGA	TGGC	CTCT
561	TCCC	AGGT	AATT	TGGG	CCCA	ATTT	AAAC	ACAC	TTAA	TATA
601	GAGA	AGTT	TAGA	GGTT	ATTC	GAGA	CCTT	CTTT	TTCC	ATTT
641	TGGC	CCCA	ATTT	GAGA	TTCC	GGGA	AATA	AACG	ATTT	TATA
681	TTAA	AGAT	TATA	AAAA	TTTA	CCCA	AGAG	AAAA	GGGG	AGAT
721	GAGA	TTCC	GGAT	AATT	TGGG	GGGT	TATA	CCCC	AAAG	CCCT
761	AAGG	CCGG	GGGT	AAAG	TTTT	TATA	AACG	GGTT	ATTC	AAGG
801	GGTT	ATTC	TTTT	CCCC	GATA	GATA	GATA	GATA	GATA	GATA
841	GATA	TGGC	GGGG							
881	GAGA	TTCC	ATTC	AAGG	TTAA	AAGG	AAGG	CCGG	TTAA	AAAG
921	AAGG	CTTT	GGGT	GGTT	AACC	TGGG	CCCA	ATTT	GAGA	TTCC
961	TGGG	ATTC	CTTT	TAAA	TTTC	TTCC	ATTT	GGTT	ATTC	CCCC
1001	GGTT	AACC	GGGA	AATA	AACG	CTTT	GGGG	AGAT	CCTT	TATA
1041	GGGG	AGTT	GAGA	TTCC	GGGG	ATTC	AAAG	TCCC	AAAA	AAGG
1081	AAAG	CCCA	AAGG	CCGG	AAAG	TAGA	TATA	TTAA	CTCT	GGTT
1121	ATTT	TATA	GGGT	AAGG	CTTT	ACAC	AGAT	AATA	TGGC	TAAA
1161	GGGG	AACC	CCCC	GAGA	TCTG	TCTG	TCTG	TCTG	TCTG	TCTG
1201	TCTG	GAGA	AGTT							
1241	AAGG	TGGC	AAGG	TCCC	AGGT	CCCA	AGAG	TAGA	TGGC	CTCT
1281	GGTT	TTAA	GGTT	GAGA	AGTT	GGGT	TATA	ACAC	TTAA	TATA
1321	AAAC	ATTT	TAAA	AAAT	CTTT	TATA	AACG	GGTT	ATTC	AAAG
1361	TGGC	CTCT	AACG	TATA	GGGT	AAGG	CTTT	GGGA	AATA	AACG

Fonte: Adaptado de Christensen (2013)

Vítima - Cromossomo 13 - D13S317 - TATC

1	AGGT	TTAA	AACC	CTTA	AGAG	TTTG	GGGG	ACCT	TATA	TTCC
41	CCTT	AACC	TTGG	AAAT	TATA	TTAT	AAAG	AACG	GATA	GGGG
81	GGGT	CCCT	AGGT	GGGT	TTCC	ACCT	TATA	TCCC	TATA	CCCC
121	ATTA	CCAT	AAAT	AAAA	AGAT	CAAT	AAAA	TTAA	AACG	TATA
161	AAAT	TATA	GGTT	TTTA	GGGT	TTTA	AGTT	GGGT	TATA	TTTA
201	TGGG	GATA	AACG	TTAA	CCTT	GGTT	TATA	CCTT	TTTT	AACC
241	TTTT	AACC	TGGG	AAGG	AAGG	CCTT	AGAT	GGGT	AGGT	AGTT
281	AGGT	AGTT	GGGG	AGGT	GGTT	AGGT	CCTT	CCGG	TATC	TATC
321	TATC	TATC	TATC	TGGC	GGGG	AGAT	AAGG	AGGT	GGGT	TTTT
361	TTTA	TTTT	AACC	AGTT	GGGT	GGGT	CCTT	CTCT	AACG	GGTT
401	AAGG	AGGT	AGTT	AACG	AACG	CCTT	CCGG	CCCT	CCTT	ATAT
441	AAAG	GGGG	AGGT	TCCC	CTCT	AAGG	AGGT	CCAT	AAGG	AATT
481	CCTT	CTCT	AGTT	TTAA	TATA	GGTT	AAAT	TATA	AACG	TTAA
521	GGGT	CCGG	TATA	AATA	CCGG	CCTT	CCTT	TTTT	TGGG	AAGG
561	AACG	AGGT	AGAT	TCCC	AGGT	AGGT	AAGG	AGTT	GGGT	GGGT
601	AAAA	CCTT	TATA	AAAA	TGGC	GGGG	AGAT	TTAA	AACG	GGTT
641	CCCT	GGGT	TTTA	TCCC	TATA	GGGT	TTTA	CCGG	TCCC	CCTT
681	CCAT	CCTT	TATA	TTAA	AACG	AACG	AAGG	AGGT	TTAA	AAGG
721	TATA	AAGG	GATA	GGGT	TATA	ACCT	AAAG	CCCT	AATA	GGTT
761	AACG	TTAA	GCTT	GGGG	AGGT	AACG	AGTT	CCAT	TCCC	CCTT
801	TGGG	AAGG	CCTT	TTTT	AACC	TTTT	TATA	TATA	ACCT	AGGT
841	AAAT	TATA	GGGT	AGGT	AGTT	TTAA	AGAT	TTTT	TATA	CCTT
881	AGTT	GGGT	GGGT	TGGC	GGGG	AGAT	CCTT	CTCT	TTTA	AAGG

1	AGGT	TTAA	AACC	CTTA	AGAG	TTTG	GGGG	ACCT	TATA	TTCC
41	CCTT	AACC	TTGG	AAAT	TATA	TTAT	AAAG	AACG	GATA	GGGG
81	GGGT	CCCT	AGGT	GGGT	TTCC	ACCT	TATA	TCCC	TATA	CCCC
121	ATTA	CCAT	AAAT	AAAA	AGAT	CAAT	AAAA	TTAA	AACG	TATA
161	AAAT	TATA	GGTT	TTTA	GGGT	TTTA	AGTT	GGGT	TATA	TTTA
201	TGGG	GATA	AACG	TTAA	CCTT	GGTT	TATA	CCTT	TTTT	AACC
241	TTTT	AACC	TGGG	AAGG	AAGG	CCTT	AGAT	GGGT	AGGT	AGTT
281	AGGT	AGTT	GGGG	AGGT	GGTT	AGGT	CCTT	CCGG	TATC	TATC
321	TATC									
361	TATC	TATC	TATC	AGTT	GGGT	GGGT	CCTT	CTCT	AACG	GGTT
401	AAGG	AGGT	AGTT	AACG	AACG	CCTT	CCGG	CCCT	CCTT	ATAT
441	AAAG	GGGG	AGGT	TCCC	CTCT	AAGG	AGGT	CCAT	AAGG	AATT
481	CCTT	CTCT	AGTT	TTAA	TATA	GGTT	AAAT	TATA	AACG	TTAA
521	GGGT	CCGG	TATA	AATA	CCGG	CCTT	CCTT	TTTT	TGGG	AAGG
561	AACG	AGGT	AGAT	TCCC	AGGT	AGGT	AAGG	AGTT	GGGT	GGGT
601	AAAA	CCTT	TATA	AAAA	TGGC	GGGG	AGAT	TTAA	AACG	GGTT
641	CCCT	GGGT	TTTA	TCCC	TATA	GGGT	TTTA	CCGG	TCCC	CCTT
681	CCAT	CCTT	TATA	TTAA	AACG	AACG	AAGG	AGGT	TTAA	AAGG
721	TATA	AAGG	GATA	GGGT	TATA	ACCT	AAAG	CCCT	AATA	GGTT
761	AACG	TTAA	GCTT	GGGG	AGGT	AACG	AGTT	CCAT	TCCC	CCTT
801	TGGG	AAGG	CCTT	TTTT	AACC	TTTT	TATA	TATA	ACCT	AGGT
841	AAAT	TATA	GGGT	AGGT	AGTT	TTAA	AGAT	TTTT	TATA	CCTT
881	AGTT	GGGT	GGGT	TGGC	GGGG	AGAT	CCTT	CTCT	TTTA	AAGG

Fonte: Adaptado de Christensen (2013)

Vítima - Cromossomo 18 - AGAA

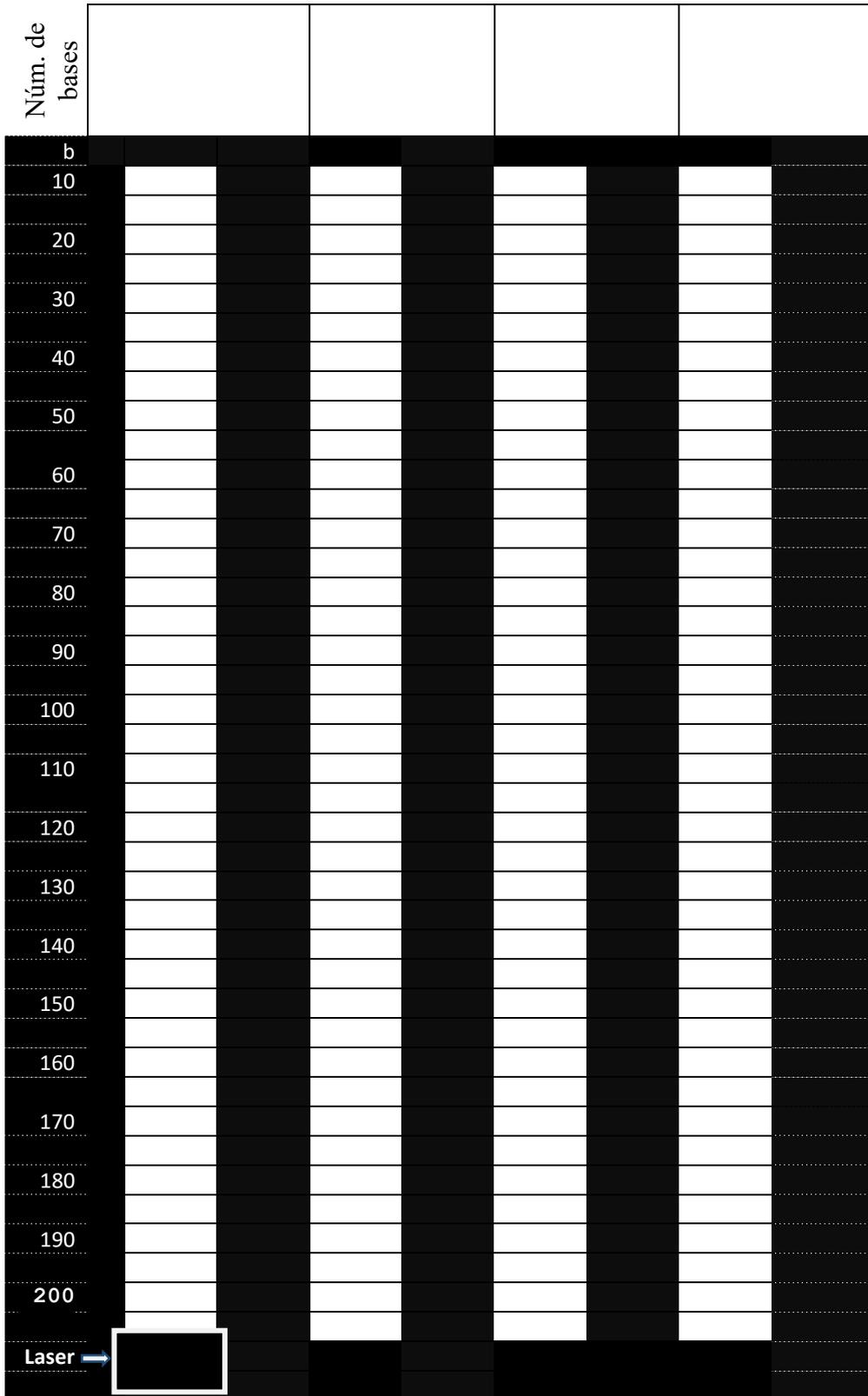
1	TTCC	AAAT	TATA	GATA	AAGG	AATT	TCTC	TTTT	GGAA	CCCT
41	TATA	AATT	AGAA							
81	AGAA									
121	AGAA									
161	AGAA									
201	AGAA	AGAA	AGAG	AAGG	CCGG	AACG	AAAC	CCTT	CTTT	GGGT
241	TGGG	AAGG	TATA	TCCC	AGGT	AGTT	TCCC	AGGT	TTCC	GGTT
281	CTTT	AAAG	TCCC	TGGG	AAGG	TATA	AAGG	CCTT	TTAA	TATA
321	TTCC	TATA	TTAA	TGGC	GGGG	AGAT	GGGT	ACCT	TTTC	GATA
361	AATT	TTTT	AACC	CCTT	AAGG	CTCT	AACG	TTAA	CCTT	GGTT
401	ATTC	AGGT	AGTT	GGGT	GGGT	TATA	TGGG	AAGG	CCGG	CCAA
441	TGGG	AAGG	CCGG	GGGT	AAAG	AAAG	TCCC	TCCC	AGGT	TATA
481	TATA	AACC	TATA	CCCC	TTAA	TATA	TTAA	TATA	AAGG	CTTT
521	AGAT	TTCC	CCAT	TTGG	GGGG	AGGT	AGTT	AGAT	GGGT	TTCC

1	TTCC	AAAT	TATA	GATA	AAGG	AATT	TCTC	TTTT	GGAA	CCCT
41	TATA	AATT	AGAA							
81	AGAA									
121	AGAA	AGAA	CCGG	GGGT	AAAG	TTTC	AAAT	ACCT	ACCA	AACC
161	TTCC	TATA	TTAA	CCTT	CTCT	ACCT	AGGG	GGTT	TTTT	CCTT
201	TTAA	TTTA	AGAG	AAGG	CCGG	AACG	AAAC	CCTT	CTTT	GGGT
241	TGGG	AAGG	TATA	TCCC	AGGT	AGTT	TCCC	AGGT	TTCC	GGTT
281	CTTT	AAAG	TCCC	TGGG	AAGG	TATA	AAGG	CCTT	TTAA	TATA
321	TTCC	TATA	TTAA	TGGC	GGGG	AGAT	GGGT	ACCT	TTTC	GATA
361	AATT	TTTT	AACC	CCTT	AAGG	CTCT	AACG	TTAA	CCTT	GGTT
401	ATTC	AGGT	AGTT	AAGG	GGGT	TATA	TGGG	AAGG	CCGG	CCAA
441	TGGG	AAGG	CCGG	CCTT	AAAG	AAAG	TCCC	TCCC	AGGT	TATA
481	TATA	AACC	TATA	CCCC	TTAA	TATA	TTAA	TATA	AAGG	CTTT
521	AGAT	TTCC	CCAT	TTGG	GGGG	AGGT	AGTT	AGAT	GGGT	TTCC

Fonte: Adaptado de Christensen (2013)

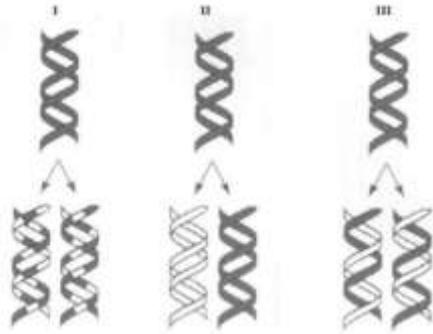
- ii) Altere o número de repetições em cada quadro para um novo perfil com as repetições sugeridas nesta SD (ver quadro 1);
- iii) Imprima os três vezes modelo de simulação de eletroforese, um para cada grupo de estudantes. Indique no espaço acima de cada coluna, qual o perfil deverá ser preenchido nas lacunas.

Simulação de eletroforese capilar



Questionário para avaliação pré-teste

1. (UFRGS) Observe a figura abaixo, que ilustra os diferentes modelos propostos para a replicação do DNA.



O experimento de Meselson e Stahl, realizado em 1957, comprovou que o modelo correto para a replicação do DNA é o:

I, porque a dupla-hélice original não contribui com a nova dupla-hélice.

I, porque, na replicação dispersiva, a densidade do novo DNA é a metade da densidade do DNA original.

II, porque a dupla-hélice original é preservada, e uma nova molécula é gerada.

III, porque cada nova molécula de DNA contém uma fita nova e uma antiga completas.

III, porque, na replicação semiconservativa, uma das fitas do DNA original é degradada.

2. (Unifor CE) – Um estudante, ao iniciar o Curso de Genética, anotou o seguinte:

I. Cada caráter hereditário é determinado por um par de fatores e, como eles se separam na formação dos gametas, cada gameta recebe apenas um fator do par.

II. Cada par de alelos presentes nas células diploides separa-se na meiose, de modo que cada célula haploide só recebe um alelo do par.

III. Antes de a divisão celular se iniciar, cada molécula de DNA se duplica e, na mitose, as duas moléculas resultantes se separam, indo para células diferentes.

- A primeira lei de Mendel está expressa em:

a) I, somente.

b) II, somente.

c) I e II, somente.

d) II e III, somente.

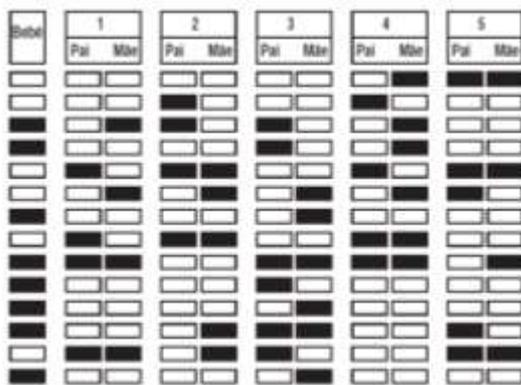
e) I, II e III.

3. (UFPE/UFRPE) A impressão digital genética (DNA fingerprint) é um dos testes desenvolvidos com o avanço da Engenharia Genética. Já disponível em alguns laboratórios, seu resultado se traduz num padrão de bandas, semelhante a um código de barras utilizado no comércio. Tal impressão genética dá a identidade

individual de forma segura. No DNA fingerprint, o que se observa são:

- a) moléculas mistas de DNA e RNA.
- b) segmentos de desoxirriboses.
- c) fragmentos de riboses e de grupos fosfatos.
- d) sequências de DNA.
- e) proteínas chaves codificadas por DNA simples.

4. (ENEM-2013) Cinco casais alegavam ser os pais de um bebê. A confirmação da paternidade foi obtida pelo exame de DNA. O resultado do teste está esquematizado na figura, em que cada casal apresenta um padrão com duas bandas de DNA (faixas, uma para o suposto pai e outra para a suposta mãe), comparadas à do bebê.



Que casal pode ser considerado como pais biológicos do bebê?

- a.1 b. 2 c. 3 d. 4 e. 5

5. (ENEM-2017) A reação em cadeia da polimerase (PCR, na sigla em inglês) é uma técnica de biologia molecular que permite replicação *in vitro* do DNA de forma rápida.

Essa técnica surgiu na década de 1980 e possibilitou avanços científicos em todas as áreas de investigação genômica. A dupla hélice é estabilizada por ligações hidrogênio, duas entre as bases adenina (A) e timina (T) e três entre as bases guanina (G) e citosina (C). Inicialmente, para que o DNA possa ser replicado, a dupla hélice precisa ser totalmente desnaturada (desenrolada) pelo aumento da temperatura, quando são desfeitas as ligações de hidrogênio entre as diferentes bases nitrogenadas.

Qual dos segmentos de DNA será o primeiro a desnaturar totalmente durante o aumento da temperatura na reação de PCR?



Questionário para avaliação pós-teste

Assinale “V” para a alternativa verdadeira e “F” para falsa.

11. () Cada par de alelos presentes nas células diploides separa-se na meiose, de modo que cada célula haploide só recebe um alelo do par.
12. () A replicação do DNA é semiconservativa, isto é, as fitas filhas consistem de uma fita parental e uma recém-sintetizada.
13. () No teste de paternidade, observa-se o padrão de bandas no filho e compara-se com dos supostos pais. Se as bandas forem iguais, significa que o DNA apresenta um grau de parentesco.
14. () Tocar um objeto com as mãos nuas pode deixar células suficientes para a tipagem de DNA por meio da PCR.
15. () No DNA *fingerprinting*, o que se observa são as bandas de uma eletroforese.

REFERÊNCIAS

CHRISTENSEN, D. Forensic DNA Banding Patterns: how to simulate & explain DNA fingerprinting in a classroom with no budget. **The American Biology Teacher**, California, v. 75, n. 9, p. 682-691, nov. 2013.

JOBIM, L. F. *et al.* **Identificação Humana: identificação médico-legal - perícias odontológicas - identificação pelo DNA**. 3 ed. Campinas, SP: Millennium editora, 2018. 275p. (Tratato de Perícias Criminais). 2018.

VAN OORSCHOT, R. A. H.; JONES, M. K. DNA fingerprints from fingerprints. **Nature**. v. 387. 19 June 1997.



ANEXO A – DOCUMENTO DE APROVAÇÃO DO COMITÊ DE ÉTICA

DADOS DA VERSÃO DO PROJETO DE PESQUISA	
Título da Pesquisa: UTILIZAÇÃO DO DNA FORENSE COMO FERRAMENTA AUXILIAR NA COMPREENSÃO DE TEMAS BÁSICOS DA GENÉTICA MENDELIANA E MOLECULAR	
Pesquisador Responsável: ANIA PATRÍCIA BEVENUTO DA SILVA	
Área Temática:	
Versão: 4	
CAAE: 46664121.7.0000.5208	
Submetido em: 03/09/2021	
Instituição Proponente: Centro Acadêmico de Vitória de Santo Antão	
Situação da Versão do Projeto: Aprovado	
Localização atual da Versão do Projeto: Pesquisador Responsável	
Patrocinador Principal: Financiamento Próprio	
Comprovante de Recepção  PB_COMPROVANTE_RECEPCAO_1749117	