

UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ

BEATRIZ DO ROCIO ZANETTI

DETETIVE FORENSE EM CRIMES AMBIENTAIS:
JOGO PEDAGÓGICO PARA O ENSINO MÉDIO, COM O USO DE TECNOLOGIAS E
BANCO DE DADOS GENÉTICOS

CURITIBA

2019

BEATRIZ DO ROCIO ZANETTI

DETETIVE FORENSE EM CRIMES AMBIENTAIS:
JOGO PEDAGÓGICO PARA O ENSINO MÉDIO, COM O USO DE TECNOLOGIAS E
BANCO DE DADOS GENÉTICOS

Dissertação apresentada ao Mestrado Profissional em Ensino de Biologia em Rede Nacional- PROFBIO, do Setor de Ciências Biológicas, da Universidade Federal do Paraná, como requisito parcial para obtenção do título de Mestre em Ensino de Biologia.

Área de concentração: Ensino de Biologia

Orientadora: Prof.^aDra Iris Hass
Coorientadora: Prof.^aDra Luciane Viater
Tureck

CURITIBA

2019

Universidade Federal do Paraná. Sistema de Bibliotecas.
Biblioteca de Ciências Biológicas.
(Dulce Maria Bieniara – CRB/9-931)

Zanetti, Beatriz do Rocio

Detetive forense em crimes ambientais: jogo pedagógico para o ensino médio, com o uso de tecnologias e banco de dados genéticos. / Beatriz do Rocio Zanetti. – Curitiba, 2019.

193 p.: il.

Orientadora: Iris Hass

Coorientadora: Luciane Viater Tureck

Trabalho de conclusão (mestrado profissional) - Universidade Federal do Paraná, Setor de Ciências Biológicas. Programa de Pós-Graduação em Ensino de Biologia em Rede Nacional.

1. Aprendizagem 2. Fauna 3. Genética forense 4. Jogos educativos I. Título II. Hass, Iris III. Tureck, Luciane Viater IV. Universidade Federal do Paraná. Setor de Ciências Biológicas. Programa de Pós-Graduação em Ensino de Biologia em Rede Nacional.

CDD (20. ed.) 371.3078



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
SETOR DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO PROFBIO ENSINO DE
BIOLOGIA EM REDE NACIONAL - 32001010175P5

TERMO DE APROVAÇÃO

Os membros da Banca Examinadora designada pelo Colegiado do Programa de Pós-Graduação em PROFBIO ENSINO DE BIOLOGIA EM REDE NACIONAL da Universidade Federal do Paraná foram convocados para realizar a arguição da Dissertação de Mestrado Profissional de **BEATRIZ DO ROCIO ZANETTI**, intitulada: "**DETETIVE FORENSE EM CRIMES AMBIENTAIS: JOGO PEDAGÓGICO PARA O ENSINO MÉDIO, COM O USO DE TECNOLOGIAS E BANCO DE DADOS GENÉTICOS**", sob orientação da Pro^{fa}. Dra. IRIS HASS, após terem inquirido a aluna e realizado a avaliação do trabalho, são de parecer pela sua **APROVAÇÃO** no rito de defesa. A outorga do título de Mestre está sujeita à homologação pelo colegiado, ao atendimento de todas as indicações e correções solicitadas pela banca e ao pleno atendimento das demandas regimentais do Programa de Pós-Graduação.

Curitiba, 30 de Julho de 2019.

IRIS HASS

Presidente da Banca Examinadora

LUCY ODO

Avaliador Interno (UNIVERSIDADE FEDERAL DO
PARANÁ)

REGINALDO RODRIGUES DA COSTA

Avaliador Externo (PONTIFÍCIA UNIVERSIDADE
CATÓLICA DO PARANÁ)

RELATO DO MESTRANDO

Instituição : UFPR
Mestranda: Beatriz do Rocio Zanetti
Título do TCM: DETETIVE FORENSE EM CRIMES AMBIENTAIS: JOGO DIDÁTICO PARA ENSINO MÉDIO, COM USO DE TECNOLOGIAS E BANCO DE DADOS GENÉTICOS
Data de defesa: 30 de julho de 2019
<p>Sou professora há 31 anos e de Biologia há 26. Sempre trabalhei em escolas públicas e por muitos anos, também em particulares, em Campo Largo e Curitiba. Durante todos esses anos, lecionei para Ensino Fundamental I e II e também Ensino Médio. Há vários anos, me dedico somente ao Ensino Médio, pois a Biologia tem uma área que sou apaixonada: a GENÉTICA. Paixão que me levou a quere fazer minha dissertação nesta área.</p> <p>Fiz muitos cursos de aperfeiçoamento, ministrei muitos também, fiz algumas especializações tanto na área de educação, quanto no bacharelado, mas a minha identificação pela educação sempre falou mais alto. Sala de aula é para mim, o lugar onde os saberes são construídos, compartilhados, onde há se espera que haja uma aprendizagem eficaz, significativa, criativa, motivadora. No início da minha carreira, tudo era mais fácil...a criatividade, a interação com os estudantes, a motivação, faziam parte do dia a dia. Com o passar dos anos, percebi que apesar das minhas atualizações, a sala de aula não era a mesma. Não era mais motivadora, não havia tanta criatividade, não havia mais interesse. Mas eu nunca desisti da educação!!! Fui a procura de outros meios, atividades interativas, criativas, metodologias inovadoras... até que recebi um convite para participar do teste de mestrado do PROFBIO. Passei!!!!</p> <p>Foi a melhor coisa que fiz profissionalmente, em muitos anos. O aperfeiçoamento, a reciclagem de conteúdos, com professores excelentes, contribuiu para que minhas aulas se tornassem aulas mais motivadoras, investigativas, interativas. Tivemos muitas sugestões de atividades interessantes facilmente aplicáveis, tanto dos professores, quanto da troca de experiência, com os colegas do curso.</p> <p>Mas nem tudo foram flores no curso... alguns professores não conseguiram trabalhar conosco, de acordo com a metodologia do curso. Foi difícil interagir, difícil entender...difícil aprender. Foi uma experiência negativa, que serviu para refletirmos sobre nosso desempenho na sala de aula. Outro ponto negativo, foram as provas de qualificação com questões de cunho tradicional, sem contextualização, que exigiam minúcias, muitas vezes sem aplicabilidade. O que senti muito, foi não ter tido tempo suficiente, para ler todos os textos e livros sugeridos, devido à grande demanda de atividades do curso e por não termos afastamento parcial de sala de aula. Este fator, impossibilitou melhoria na qualidade das atividades.</p> <p>Apesar desses pequenos pontos, que com certeza serão reparados, o mestrado teve um saldo positivo para mim!! Aprendi muito, troquei muitas experiências com os colegas extraordinários, apliquei muitas atividades interessantes e motivadoras. O brilho nos meus olhos voltou... hoje produz mais, invento, instigo, incentivo os estudantes, em busca de um conhecimento significativo para suas vidas. E o retorno deles?.... MELHOR DO QUE O ESPERADO!!</p>

DEDICATÓRIA

**“ Dedico com imenso carinho aos meus pais,
que são as melhores pessoas que Deus
poderia ter posto em minha vida!
Pelas suas Bodas de Ouro! “**

AGRADECIMENTOS

Em primeiro lugar, não posso deixar de agradecer a Deus, por me dar força, esperança e saúde para superar as dificuldades.

Aos meus pais, Antonio Ivo Zanetti e Enedir Stoco Zanetti, por serem as melhores pessoas que Deus colocou em minha vida. Agradeço pela presença amiga, pelos conselhos e por estarem sempre comigo, me dando apoio, força, motivação e amor incondicional, principalmente nos piores momentos da minha vida.

À minha filha, Stephanie Beatrice, por estar sempre comigo me apoiando, incentivando e me dando força durante todo o curso de mestrado.

À minha irmã Luciana Zanetti, que sempre acreditou nas minhas potencialidades, por todo o companheirismo e por sempre me socorrer quando eu mais precisei.

Aos meus queridos sobrinhos Felipe, Eduardo e Luiza, que mesmo na tenra idade souberam entender minha ausência, quando eu queria estar mais presente em suas vidas.

À minha orientadora, prof.^a Dra. Iris Hass, por toda a dedicação, empenho e sentido prático com que sempre me orientou neste trabalho.

À minha coorientadora, prof.^a Dra. Luciane Viater Tureck, pelas contribuições nas correções.

Aos profs. Dra. Nina Pagnan e Dr. Jaime Paba, por todas as contribuições e correções, durante as etapas do TCM.

Aos profs. Dr. Reginaldo Costa e Dra. Lucy Ono, que compuseram a minha banca de defesa, pelas correções e contribuições significativas para melhorar meu trabalho.

À amiga Raquel Marschner, pelo carinho, dedicação, incentivo e pelo apoio constante. Agradeço por todos os momentos inesquecíveis, pelas risadas, pelo aprendizado.

Ao amigo Luis Américo Juliatto, pela amizade, companheirismo, paciência, por todo apoio, incentivo e pelo café maravilhoso que proporcionava descontração e muitas risadas, entre nós colegas.

À Francini Vila dos Santos pela amizade, formatação e pelas sugestões significativas na minha dissertação.

Aos professores e colegas do PROFBIO UFPR, por todo o conhecimento compartilhado e pelos momentos incríveis, que sentirei muita falta.

Aos meus queridos ex-alunos, parceiros e amigos, que estiveram sempre presentes durante o processo de produção desta dissertação. Em especial a Luiz Gustavo de Oliveira

Nascimento e Nathalia Marina de Lara, que juntamente comigo idealizaram o jogo, produto deste trabalho, com muita competência e conhecimento.

A aqueles que de forma direta ou indireta, contribuíram para que esta dissertação tomasse corpo e que este sonho se tornasse realidade.

Este Trabalho de Conclusão de Mestrado (TCM) foi desenvolvido no Setor de Ciências Biológicas da Universidade Federal do Paraná, sob a orientação da Prof^a Dra Íris Hass, e contou com o apoio financeiro da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES).

RESUMO

O ensino de Genética para estudantes do Ensino Médio pode e deve ocorrer de forma efetiva e prazerosa, permitindo que a apropriação do conhecimento leve a formação de cidadãos mais críticos e participativos, e que contribuam com o desenvolvimento do país. Assim, objetivando o efetivo ensino-aprendizagem dos conteúdos de Genética, produzimos um jogo didático de tabuleiro, que também utiliza tecnologias, por meio de acesso via QR Codes a bancos de dados científicos. Anteriormente ao desenvolvimento do jogo foi apresentada, a alunos voluntários em contra turno, uma sequência didática que permitiu o contato com conteúdos de Genética Forense, Genética da Conservação e Biologia Molecular. A sequência didática é composta por textos e atividades práticas que abordaram os conteúdos de genética, visando aumentar os conhecimentos dos estudantes de forma mais interativa, proporcionando reflexões, discussões, pesquisas e simulações. O jogo “Detetive Forense em Crimes Ambientais” é composto por dois casos sobre crimes ambientais, desvendados através da análise de pistas. Após os testes de jogabilidade, foi definido que os casos podem ser jogados separadamente, com no mínimo dois e no máximo oito jogadores, em tempos que podem ser adequados de uma a três aulas geminadas. Também como produto deste trabalho, produzimos um tutorial para professores sobre DNA mitocondrial e banco de dados genéticos, que objetiva auxiliar a compreensão dos conteúdos desenvolvidos na sequência didática e que são utilizados no jogo didático. Como resultado percebeu-se que quando se introduz jogos didáticos no processo de ensino, a motivação, o envolvimento e o interesse pelos conteúdos aumentam, pois seu emprego aguça a curiosidade dos estudantes, garantindo um efetivo aprendizado.

Palavras chave: ensino-aprendizagem, fauna brasileira, genética forense, jogo didático.

ABSTRACT

Teaching Genetics to high school students can and should be effective and enjoyable, allowing the appropriation of knowledge to lead to the formation of more critical and participative citizens, and to contribute to the country's development. Thus, aiming at the effective teaching and learning of Genetics content, we produced a didactic board game, which also uses technologies, through QR Codes access to scientific databases. Prior to the development of the game it was presented to volunteer students in turn, a didactic sequence that allowed contact with contents of Forensic Genetics, Conservation Genetics and Molecular Biology. The didactic sequence is composed of texts and practical activities that approached the genetics contents, aiming to increase students' knowledge in a more interactive way, providing reflections, discussions, research and simulations. The game "Forensic Detective in Environmental Crimes" consists of two cases about environmental crimes, unraveled through the analysis of clues. After the gameplay tests, it has been defined that cases can be played separately, with at least two at most eight players at times that may be suitable for one to three twinned classes. Also as a product of this work, we produce a tutorial for teachers about mitochondrial DNA and genetic database, which aims to help the understanding of the contents developed in the didactic sequence and that are used in the didactic game. As a result, it was noticed that when introducing didactic games in the teaching process, the motivation, involvement and interest in the contents increase, because their use sharpens the curiosity of the students, ensuring an effective learning.

Keywords: teaching-learning, Brazilian fauna, forensic genetics, didactic game

LISTA DE FIGURAS

FIGURA 1- ESQUEMA DO MÉTODO DE DNA BARCODING	27
FIGURA 2- ESTUDANTES VOLUNTÁRIOS, PARA O TESTE DA JOGABILIDADE..	36
FIGURA 3-LEITURA DE PISTA, COM AUXÍLIO DE QR CODE.....	37
FIGURA 4-JOGO DO CASO I: PEIXE FORA D'ÁGUA.....	37
FIGURA 5-PISTA SENDO LIDA, COM AUXÍLIO DE LUPA COM LENTE VERMELHA.....	38
FIGURA 6-ESTUDANTE DECIFRANDO PISTA EM FORMA DE CÓDIGO, UTILIZANDO LUPA VERMELHA	38
FIGURA 7-CARTÕES COM PISTAS	39
FIGURA 8- EQUIPE ANALISANDO E DISCUTINDO SUAS PISTAS.....	39
FIGURA 9- TABULEIRO DO CASO II: PENAS E PELES.....	40
FIGURA 10- ESTUDANTE FINALIZANDO O JOGO, APÓS EQUIPE CHEGAR A UM CONSENSO SOBRE O CRIME.....	40
FIGURA 11- TABULEIRO DO CASO I PEIXE FORA D'ÁGUA.....	155
FIGURA 12- PISTAS DISPOSTAS AO LADO DO TABULEIRO, DE ACORDO COM SUAS LOCALIZAÇÕES.....	155
FIGURA 13- TABULEIRO DO CASO PENAS E PELES.....	156
FIGURA 14- PISTAS DISPOSTAS AO LADO DO TABULEIRO, DE ACORDO COM SUAS LOCALIZAÇÕES.	156

LISTA DE QUADROS

QUADRO 1- LISTA DE LOCAIS E NÚMEROS CORRESPONDENTE NO TABULEIRO, DE CADA CASO	159
QUADRO 2- MODALIDADE DE CURTA DURAÇÃO, COM 1 CRIMINOSO	161
QUADRO 3- MODALIDADE DE DURAÇÃO E DIFICULDADE MEDIANAS, COM 2 CRIMINOSOS.....	161
QUADRO 4- MODALIDADE DE MAIOR DURAÇÃO E DIFICULDADE	162

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	14
1.1 OBJETIVOS.....	16
1.1.1 Objetivo geral.....	16
1.1.2 Objetivos específicos.....	16
2 REVISÃO DE LITERATURA	17
2.1 O ENSINO DE GENÉTICA.....	17
2.1.1 O ensino investigativo.....	20
2.1.2 O uso de jogos pedagógicos no ensino de genética.....	21
2.2 GENÉTICA DA CONSERVAÇÃO.....	24
2.3 GENÉTICA FORENSE: DO DNA NUCLEAR ATÉ O DNA BARCODING.....	25
3. METODOLOGIA	28
3.1 PÚBLICO ALVO E DELINEAMENTO DAS ETAPAS DO TRABALHO.....	28
3.2 SEQUÊNCIA DIDÁTICA SOBRE OS CONTEÚDOS DE GENÉTICA DO ENSINO MÉDIO	29
3.3 ELABORAÇÃO DE UM JOGO DIDÁTICO.....	30
3.4 TUTORIAL DE GENÉTICA FORENSE EM CRIMES AMBIENTAIS.....	31
3.5 PERCEPÇÃO SOBRE A SEQUÊNCIA DIDÁTICA E O JOGO.....	31
4 RESULTADOS	32
4.1 SEQUÊNCIA DIDÁTICA.....	32
4.2 JOGO: DETETIVE FORENSE EM CRIMES AMBIENTAIS.....	35
4.2.1 Testando a jogabilidade.....	36
4.2.1.1 Impressões sobre a aplicação da sequência didática.....	41
4.2.1.2 Impressões sobre a aplicação do jogo.....	42
5 DISCUSSÃO	44
6 CONSIDERAÇÕES GERAIS	47
REFERÊNCIAS	48
APÊNDICE 1	57
APÊNDICE 2	151
APÊNDICE 3	168
APÊNDICE 4	169

1 INTRODUÇÃO

O ensino de Biologia segundo Krasilchik (2004) tem se mostrado desvinculado do cotidiano do estudante, e não lhe oportuniza a reflexão dos novos conhecimentos trabalhados em sala. Dessa maneira, a motivação para o desenvolvimento das atividades e a metodologia utilizada pelo professor são primordiais para um aprendizado significativo, pois acarretam interesse nos estudantes (PEREIRA, 2017). Preocupados com isso, e com a contextualização dos conteúdos, muitos professores utilizam em suas aulas, ferramentas pedagógicas que auxiliam no ensino dos conteúdos científicos (VIEIRA, 2010).

Segundo Sossela et al. (2013) ensinar Biologia não se resume em definir termos específicos, mas também em trabalhar valores éticos vinculados ao que se aprende, para que o estudante tenha condições de compreender e transformar mundo o que o cerca. Para isso ele necessita de conhecimentos científicos e tecnológicos, e de professores que promovam a curiosidade e instiguem a pesquisa científica, levando em consideração os saberes prévios dos estudantes primando pela contextualização.

No enorme universo da Biologia, uma das áreas que vem ganhado bastante destaque é a Genética, pois está ligada a assuntos de interesse do ser humano como: doenças genéticas, biotecnologia, Organismos Geneticamente Modificados (OGM), terapia gênica, câncer, entre outras. Entretanto, a maioria das pessoas nem sempre possui o conhecimento necessário para a compreensão desses assuntos. Para Temp (2011) embora temas sobre Genética estejam presentes no cotidiano das pessoas, ainda há grande dificuldade de compreensão por parte das pessoas sobre os fenômenos e desenvolvimento desta área.

De acordo com Jann (2010) o conhecimento científico deve ser acessível à sociedade, de modo que as pessoas possam opinar e debater sobre temas que afligem a humanidade, como as pesquisas feitas em Genética e suas aplicações nas diversas áreas. Para tanto o ensino de Genética na disciplina de Biologia deve ser interessante e acessível aos estudantes, permitindo que os mesmos possam ser utilizados no dia a dia.

De acordo com Silva (2015) ensinar genética é sempre um desafio para o professor, pois muitos estudantes têm dificuldades na compreensão por acharem que os conteúdos de genética são muito abstratos e sem conexão com seu cotidiano e acabam somente decorando os termos ao invés tentar compreender e contextualizá-los. Além disso, muito dos conteúdos são ministrados conforme são apresentados nos livros didáticos sem alcançar uma aprendizagem significativa e contextualizada.

Vilela (2007) menciona que a problemática no ensino de Genética, pode estar relacionada a fatores como dificuldade de entendimento pelos professores, ausência de

laboratório, escassez de equipamentos e materiais para aulas práticas e também a forma com que os livros didáticos abordam os conteúdos de genética com metodologia condensada, ou mesmo abstrata. Araújo (2017) e Moreno (2007), apontam também que as dificuldades em aprender genética estão relacionadas principalmente a má estrutura das escolas, deficiência na formação profissional, onde professores não possuem base para ensinar genética e também às abordagens errôneas nos livros didáticos, dificultando a aprendizagem da genética em sua totalidade.

Este trabalho teve como objetivo contribuir para o ensino e o aprendizado de biologia, no que se refere ao conteúdo de genética. Para tanto foi elaborada e testada a viabilidade de uma atividade investigativa, a qual pode ser desenvolvida durante as aulas de genética do Ensino Médio. Essa atividade envolveu a elaboração, execução e testagem de um jogo didático, que utilizou os conhecimentos de Genética associados à tecnologia. A proposta tem a pretensão de transformar o ensino desinteressante e tradicional e que muitas vezes é distante da realidade do estudantes em um conhecimento mais acessível a eles, utilizando abordagens inovadoras, capazes de possibilitar e estimular um ensino mais integrado e adequado às necessidades e realidade do educando.

1.1 OBJETIVOS

1.1.1 Objetivo geral

Desenvolver e disponibilizar aos demais professores um jogo didático, destinado a estudantes de Ensino Médio, que envolva conteúdos de Genética Forense e da Conservação a partir de uma sequência didática pautada no ensino por investigação.

1.1.2 Objetivos específicos

- Elaborar uma sequência didática para desenvolver conteúdos de genética que envolvam a utilização de diferentes ambientes virtuais de ensino e bancos de dados genéticos, a partir de situações problema, bem como atividades práticas de simulação forense e de Genética da Conservação.

- Propiciar a integração dos conteúdos desenvolvidos, a estimulação da criatividade e a participação ativa dos estudantes por meio da construção participativa de um jogo didático.

- Disponibilizar a sequência didática e o jogo didático desenvolvidos para que sejam divulgados e facilmente replicados por outros professores de Biologia;

- Disponibilizar a professores do Ensino Médio, um Tutorial para aprofundamento de alguns conceitos e conteúdos necessários para o jogo didático.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 ENSINO DE GENÉTICA

A Genética é o ramo da Biologia que estuda os fenômenos da hereditariedade que se caracterizam pelos mecanismos de transmissão das características de uma espécie, além das variações que ocorrem na transmissão das características e a importância delas na constituição dos organismos e na construção de tecnologias (MOURA, 2013).

Para Paiva (2005), os avanços biotecnológicos e a necessidade de um posicionamento crítico frente a estes, colocam essa área em uma posição de destaque no ensino de Biologia dentro de um ambiente escolar, com importantes implicações nas questões éticas da sociedade. Porém, de acordo com Moura (2013) o ensino de Genética, ainda é abstrato para um grande número de estudantes, e sem conexão com a realidade dos mesmos. Segundo Pedrancini et al. (2007) é papel da escola trabalhar os conteúdos de forma contextualizada, promovendo uma educação que forme cidadãos críticos, conscientes e capazes de se apropriar do conhecimento e tomar decisões.

Rodrigo (2011) salienta que apesar da importância do estudo e correlação da Genética com o dia a dia dos estudantes, nota-se que ainda há muitas barreiras para a transposição dos conhecimentos da Genética para a sala de aula, comprometendo o aprendizado.

Campos (2003) esclarece que a Genética está cada vez mais inserida no cotidiano social, em revistas, jornais, novelas e programas populares e mesmo assim ainda é trabalhada na sala de aula de maneira teórica e tradicional. O mesmo autor descreve que a maioria dos professores de Biologia,

transforma a aula em uma sequência de possíveis combinações entre as letras que correspondem aos genes, sem que os alunos compreendam o que é um gene, e como ele se comporta de geração para geração. Depois disso, a aula se transforma em sucessivos cálculos de frações e porcentagens para determinar as chances de um indivíduo possuir ou não um caráter hereditário (CAMPOS, 2003 p.49)

Aprender Genética, para Santos (2015) depende de um extenso vocabulário, do entendimento de conteúdos complexos e específicos e da compreensão e diferenciação dos conceitos envolvidos. Porém o processo de ensino aprendizagem deve ser estimulado através de jogos, dramatizações, discussões teóricas, atividades em equipe, simulação de investigação científica, podendo fazer uso de tecnologias.

Giacóia (2006) destaca que o conhecimento genético não se limita ao entendimento de questões relacionadas a genes, mas em entender como funciona a vida no planeta. Cabe, portanto à escola, fornecer aos estudantes os conteúdos necessários, para que compreendam

de maneira mais efetiva e sejam capazes de utilizá-los na vida cotidiana. Desta forma, para Vieira (2010), o ensino de Genética, deve incorporar estratégias que ajudem nas exigências contemporâneas, pois o ensino das mesmas deveria estar sempre sintonizado com a realidade e a necessidade do país e do mundo. E este fato deve estar refletido em sala de aula, o qual exige o surgimento de diferentes materiais e metodologias de ensino, aumentando o interesse do estudante em relação aos conteúdos do currículo escolar.

Lima (2012) relata que o ensino “conteudista” presente atualmente nas escolas não condiz com as reais necessidades de informações dos estudantes e acredita que as escolas deveriam passar a investir em novas formas de ensinar. A mesma autora sugere que o ensino de Biologia deveria mostrar aos estudantes que eles estão inseridos no planeta, que fazem parte da Biologia e que suas decisões afetam todas as outras vidas existentes.

Brão (2015) relata que o ensino de Genética apresenta grandes dificuldades tanto para os estudantes, quanto professores quanto ao processo de ensino-aprendizagem, e que para haver maior aprendizado são necessárias atividades diferenciadas e, se possível, prazerosas que complementem o ensino dos conteúdos.

Para Zômpero et al. (2011),

a valorização de atividades diferentes em sala de aula está diretamente ligada à motivação gerada nos alunos que delas se beneficiam, sendo um motivo constante nas argumentações dos autores. Motivar os estudantes não é algo muito simples, não é simplesmente inovar algumas aulas e achar que se resolve o problema.

A mesma autora afirma que a falta de motivação dos estudantes, é reflexo de aulas tradicionais desgastadas e falta de contextualização dos conteúdos. “No que se refere ao ensino de Genética, um dos maiores problemas encontrados reside na veiculação da ideia/visão de Ciência como verdade inquestionável. Esta concepção dificulta o entendimento da natureza da atividade científica e desestimula os estudantes” (SCHEID & FERRARI, 2006, p.17).

Torre (2006, p.9) relata que “a motivação escolar é algo complexo, processual e contextual, mas alguma coisa se pode fazer para que os alunos recuperem ou mantenham seu interesse em aprender”.

Paiva et al. (2016) refletem sobre a importância da metodologia utilizada pelo educador, pois ele pode ensinar tanto o educando a ser livre quanto submisso, seguro ou inseguro, disciplinado ou desordenado, responsável ou irresponsável e competitivo ou cooperativo. Para Paiva, o professor deve ser mediador na produção do conhecimento, sendo

assim ele pode mediar, incentivar, provocar e instigar os estudantes à reflexão, através do ensino de conteúdos que sejam atrativos e interativos, promovendo o envolvimento dos estudantes, possibilitando melhor aprendizado.

A procura por novas metodologias de ensino, tem sido muito frequente por docentes que estão buscando aulas mais atrativas para os estudantes, e melhoria no ensino da Biologia. Segundo Moran (2018), há metodologias ativas, onde o estudante é protagonista de seu próprio conhecimento e aprende de forma participativa e autônoma, visando um aprendizado significativo, sendo que o mesmo não ocorre sem que haja sentido no que se está estudando. Essas metodologias ativas exigem participação mais ativa do estudante, que têm possibilidade de acessar as informações que necessitam em tempo real, facilitando o desenvolvimento das atividades, proporcionando melhor desempenho e melhores argumentações. Essas metodologias proporcionam um aprendizado significativo, através da resolução colaborativa de desafios que podem ser solucionados por meio de investigação e resolução de problemas, podendo fazer uso de tecnologias (uso de dispositivos móveis), que são grandes facilitadoras ou outros materiais relevantes.

Ainda para Moran (2018), se quisermos que os estudantes sejam proativos, precisamos adotar metodologias em que eles se envolvam em atividades cada vez mais complexas, em que tenham que tomar decisões e avaliar os resultados. Se quisermos que sejam criativos, eles precisam experimentar inúmeras novas possibilidades de mostrar sua iniciativa.

De acordo com Garofalo (2018), o papel do professor em sala é ser mediador da aprendizagem, instigando e provocando o estudante na busca de resoluções de problemas. Ele media trabalhos e projetos, promove reflexões para que o estudante construa seu conhecimento, de forma crítica e reflexiva.

Existem muitos recursos que podem utilizados em metodologias ativas dentro do ambiente escolar, dentre eles estão os inúmeros recursos tecnológicos disponíveis, que podem ser utilizados nas aulas de Genética e explorados pelos estudantes de forma interativa, melhorando com isso a qualidade do ensino (HOFMANN, 2016).

Para Casagrande (2006), os conhecimentos científicos e tecnológicos devem fazer parte da formação do cidadão e que dentre os inúmeros recursos tecnológicos disponíveis, os dispositivos móveis e os jogos pedagógicos, são os grandes facilitadores na aprendizagem e que podem funcionar muito bem na aprendizagem dos estudantes.

As Tecnologias de Informação e Comunicação (TICs), quando usadas de forma adequada podem ser um grande potencial de transformação nas aulas e enriquecem o ensino,

tornando-as mais dinâmicas, interativas e interessantes (OLIVEIRA, 2015). Dessa maneira o uso de celulares em sala de aula pode ser uma opção, desde que bem orientado, para que sua utilização seja benéfica e equilibrada, possibilitando melhores e maiores aquisições de conhecimento.

No *blog* mLearn Educação Móvel (2017), a reportagem “Celular na sala de aula: como fazer dele um aliado? ”, afirma que na atualidade o celular é uma forte tendência e estratégia poderosa para o aprendizado, pois se a utilização for supervisionada pelo professor em sala, pode se tornar um excelente instrumento de aprendizagem, principalmente em relação aos recursos que os *smartphones* podem apresentar.

A utilização de tecnologia como computadores e celulares, desde que bem orientadas, tem contribuído para sanar dúvidas dos estudantes, trocar e discutir ideias, para orientar atividades de grupos, postar atividades e *links* para pesquisa, contribuindo para aprendizagem. De acordo com Garcia (2000), as mesmas permitem que os estudantes ajudem um ao outro e aprendam de forma conjunta, por meio de trocas e acréscimos de informações, de forma rápida e fácil, contribuindo muito para o aprendizado dos estudantes, uma vez que há intercâmbio de ideias, discussões e aprendizado.

2.1.1 O ensino investigativo

De acordo com Driver et al. (1999) é aquele em que os estudantes, instigados pelo professor, tentam investigar e resolver problemas por meio de argumentações e proposições de questões e levantamento de hipóteses sobre as atividades.

Segundo Duschl (1998) nas atividades investigativas, o estudante deixa de ser apenas um observador da aula e passa a ser um sujeito ativo capaz de argumentar, pensar, agir e interferir nela.

O Ensino por Investigação, de acordo com Lima (2012), tem como finalidade a aprendizagem por meio de situações-problema ou enigmas que possibilitam o desenvolvimento de habilidades cognitivas. “Nessa abordagem, os alunos têm a oportunidade de discutir, questionar suas hipóteses e ideias iniciais, confirmá-las ou refutá-las, coletar e analisar dados para encontrar possíveis soluções para o problema” (SUART & MARCONDES, 2008, p.2).

Oliveira (2010) afirma que as atividades investigativas não utilizam roteiros que restringem a intervenção ou modificação que pode ser feita pelos estudantes, mas permitem que a aula seja construída conforme o desenvolvimento dos mesmos. Assim eles podem desenvolver o pensamento e construir seu conhecimento.

Para Sá (2008), a atividade investigativa deve proporcionar debates e discussões entre os estudantes, que devem buscar solução de problemas. Trópia (2009) acredita que a abordagem do ensino por investigação necessita associar os conhecimentos escolares com as produções dos conhecimentos científicos.

Todas as habilidades desenvolvidas com o ensino investigativo não servem apenas para a escolaridade. Para Ponte (2003, p.2), “trata-se de uma capacidade de primeira importância para todos os cidadãos e que deveria permear todo o trabalho da escola, tanto dos professores como dos alunos”.

Assim, Castro (2006) conclui que: “ensinar nunca será forçar uma aprendizagem, mas contribuir para despertar a energia que possa produzi-la naturalmente”. Para Sá (2008), a atividade investigativa deve proporcionar debates e discussões entre os estudantes, que devem buscar solução de problemas.

Rodrigo (2011) apresenta que as atividades investigativas trazem uma nova perspectiva aos estudantes, surge, então, o interesse em utilizar o jogo de forma a contribuir para os processos de ensino-aprendizagem.

2.1.2 O uso de jogos pedagógicos no ensino de genética

Com os avanços e o desenvolvimento da ciência e tecnologia, se faz necessário buscar novos recursos didático-pedagógicos, que facilitem o processo de ensino e aprendizagem, e que despertem o interesse dos estudantes. Entretanto o que se percebe nas salas de aula, é que a mera transmissão teórica de conteúdos ainda é muito presente, não havendo uma contextualização dos mesmos, dificultando a compreensão mais aprofundada de alguns conteúdos como os de Genética (BURNATT, 2004).

De acordo com Brão et al. (2015) o jogo didático é uma ferramenta eficaz na aprendizagem que estimula o interesse dos estudantes, capaz de desenvolver diversas habilidades mentais e sociais, pois há interações entre os envolvidos ajudando inclusive a fazerem novas descobertas. Outra vantagem dos jogos pedagógicos é a de que os estudantes são participantes ativos, ao invés de meros observadores passivos, os quais tomam decisões, resolvem problemas e reagem aos resultados das suas próprias decisões (FRANKLIN et al., 2003).

Kishimoto (2005), afirma que os jogos “englobam duas funções: a lúdica e a educativa, que devem coexistir em equilíbrio, porque se a função lúdica prevalecer não passará de um brinquedo e, se a função educativa for predominante, será apenas um material didático”.

Bortoloto et al. (2003) consideram que a apropriação e a aprendizagem significativa de conhecimentos podem ser facilitadas quando tomam a forma aparente de atividade lúdica, como é o caso dos jogos pedagógicos, pois os estudantes ficam entusiasmados quando recebem a proposta de aprender de uma forma mais interativa e divertida. Para os mesmos autores, o jogo é uma importante alternativa para favorecer a construção do conhecimento dos estudantes.

De acordo com as Orientações Curriculares para o Ensino Médio (BRASIL, 2006, p.28),

o jogo oferece o estímulo e o ambiente propícios que favorecem o desenvolvimento espontâneo e criativo dos alunos e permite ao professor ampliar seu conhecimento de técnicas ativas de ensino, desenvolver capacidades pessoais e profissionais para estimular nos alunos a capacidade de comunicação e expressão, mostrando-lhes uma nova maneira, lúdica, prazerosa e participativa de relacionar-se com o conteúdo escolar, levando a uma maior apropriação dos conhecimentos envolvidos“.

Justiniano et al. (2006), assim como os outros autores supracitados, também afirmam que os jogos pedagógicos são uma ótima opção para o processo de aprendizagem de conteúdos mais complexos como os de Genética, pois tanto podem auxiliar no aprendizado, quanto na fixação dos mesmos. Campos et al. (2003) também acreditam que os jogos pedagógicos, podem facilitar o processo ensino-aprendizagem, principalmente se houver lacunas deixadas pelo ensino tradicional, onde se prevalece a transmissão/recepção de conteúdo. Ainda, de acordo com o mesmo autor, além de facilitar a aprendizagem, os jogos pedagógicos possibilitam a interação entre os envolvidos, o desenvolvimento do raciocínio e a argumentação.

Ao propor os jogos pedagógicos, o professor tem que esclarecer bem as atividades que serão realizadas antes, durante e depois de terminar o jogo, pois caso contrário ele poderá se tornar somente uma diversão em sala, deixando de lado seu principal objetivo, que é a aprendizagem de conceitos (CUNHA, 2012).

Para que se obtenha êxito no processo ensino aprendizagem, Cabrera (2007) afirma ser necessária uma interação professor-aluno, em que o professor seja o mediador dessa aprendizagem, criando condições e situações em que o aluno explore seus movimentos, interaja com os colegas e resolva situações-problema. Assim, o sujeito amplia sua

compreensão e sua prática sobre a importância do lúdico e da vivência integrada entre os colegas e o professor, bem como seu interesse em aprender.

Para Hermann (2013) a utilização de jogos pedagógicos e outros métodos de ensino tem se mostrado uma eficiente estratégia no processo de ensino-aprendizagem de Genética, pois são uma forma dinâmica de apresentar o conteúdo, permitindo a contextualização, o raciocínio, e entendimento do conteúdo, que na maioria das vezes é pouco compreendido pelos estudantes. Com jogos a aula torna-se mais prazerosa, e os estudantes ficam motivados a participarem e se envolverem no processo.

Rocha et al. (2016) relatam que as atividades teóricas nem sempre são suficientes para a aprendizagem de conteúdos de genética. Muitas vezes é necessário buscar outros meios e os jogos têm sido empregados como uma alternativa, que tem gerado bons resultados no processo de aprendizagem em genética.

Para Burnatt (2014) ensinar genética associada a situações lúdicas, desmistifica a aprendizagem difícil e complexa e passa a ser tratada e compreendida de maneira natural e relacional.

Rodrigo (2011) salienta que considerando as dificuldades na aprendizagem da Genética, torna-se importante discutir as possibilidades de realizar abordagens mais dinâmicas e interativas com os conteúdos, facilitando a compreensão e tornando o ensino mais atrativo aos estudantes. Pesquisadores como Campos (2003), Jann (2010) e Matos (2010), têm apontado às vantagens da aprendizagem, associada aos jogos pedagógicos. Para eles, jogos como ferramentas pedagógicas facilitam o processo de construção do conhecimento, desenvolvem habilidades e o raciocínio lógico.

Martinez (2008, p. 1) afirma que “existe uma intensa competição causada pela tecnologia e pela velocidade de fluxo de informações através dos meios de comunicação, como por exemplo, a Internet, que globalizou o conhecimento”. O mesmo autor afirma que jogos pedagógicos com a utilização de tecnologias, auxiliam muito no processo da aprendizagem. Para ele, o jogo é uma importante ferramenta educacional, pois pode auxiliar no processo de ensino e aprendizagem, nos diferentes níveis de ensino e nas diversas áreas do conhecimento.

A utilização de jogos é uma alternativa viável, segundo Campos (2003), pois podem possibilitar aprendizagem e favorecem a construção de conhecimentos numa atividade em equipe. O mesmo autor acredita que a aprendizagem significativa é facilitada com atividades lúdicas, pois os estudantes ficam entusiasmados quando a proposta para aprender, é mais interativa e divertida.

2.2 GENÉTICA DA CONSERVAÇÃO

Frankham et al. (2002) define Genética da Conservação como “uma nova abordagem no estudo da biodiversidade e utiliza as análises genéticas moleculares para elucidar aspectos relevantes da biologia das espécies para fins de manejo e conservação”.

Carbonaro (2011) indica que, nas últimas décadas, a diversidade biológica do planeta tem sido reduzida de forma drástica, sendo que a ação humana é responsável direta ou indireta pela destruição e fragmentação de habitat, migração de espécies para novas localidades, sobre-exploração e poluição. A mesma autora alerta que grande parte da variabilidade genética, importante econômica e ecologicamente foi perdida, ocasionando uma limitação no potencial adaptativo às modificações ambientais.

Garrido (2017) afirma que o Brasil tem a maior biodiversidade de espécies do mundo e que ela vem sendo ameaçada, por meio de atos criminosos tais como contrabando, caça e pesca ilegais, comércio ilegal de espécies, queimadas, poluição, desmatamentos, introdução de espécies exóticas, etc. Como resultado há a extinção e ameaça de muitas espécies naturais.

Segundo Ferreira (2012), o comércio ilegal de fauna, bem como a perda e degradação dos habitats, são as principais ameaças aos animais silvestres brasileiros, sendo as aves canoras, as mais visadas para esse tipo de comércio. O número de apreensões, provenientes deste tipo de comércio ilegal, cresce a cada ano, porém ainda há um número muito grande de aves que não sobrevivem.

Santos et al. (2004) relatam que no Brasil tem um enorme potencial de biodiversidade, e através de regulamentações do acesso ao patrimônio genético das espécies, pode-se impedir problemas como a Biopirataria, conceituada mundialmente como “ a exploração, manipulação, exportação ou comercialização internacional de recursos biológicos que contrariam as normas da Convenção sobre Diversidade Biológica de 1992”.

Piorski et al.(2008) descreve que atividades humanas têm causado um grande impacto sobre os sistemas hidrográficos e a fauna de peixes e que a Genética da Conservação, tem possibilitado o conhecimento da estrutura genética das espécies e suas respostas às alterações ambientais e ações humanas.

Com o intuito de combater ações criminosas contra o meio ambiente, foi criada a Lei 9605/98, que “dispõe sobre as sanções penais e administrativas derivadas de condutas e atividades lesivas ao meio ambiente (...)”. O art.29, desta Lei é destinado a crimes contra a fauna e relata que são previstas penas para quem “matar, perseguir, caçar, apanhar, utilizar espécimes da fauna silvestre, nativos ou em rota migratória”, bem como para quem” vende,

expõe à venda, exporta ou adquire, guarda, tem em cativeiro ou depósito, utiliza ou transporta ovos, larvas ou espécimes da fauna silvestre, nativa ou em rota migratória, bem como produtos e objetos dela oriundos, provenientes de criadouros não autorizados ou sem a devida permissão, licença ou autorização da autoridade competente”.

Os estudos relacionados a genômica tem contribuído muito para a Genética da Conservação e evolução, pois facilita o diagnóstico de espécies ameaçadas de extinção, contribuindo com o estudo da biologia e evolução das espécies, interações entre elas e desaparecimento das mesmas no ambiente natural (SANTOS et al. 2004).

Desta forma conceitos e técnicas de Biotecnologia, que inicialmente foram utilizadas pelas Ciências Forenses (testes de paternidade, de criminalística, identificação de restos mortais humanos e na arqueologia humana), apresentam atualmente uma variedade de aplicações importantes para proteger o meio ambiente e a biodiversidade.

Assim, a Genética Forense, além de subsidiar e dar auxílio a Justiça, para desvendar casos de investigação criminal, de paternidade duvidosa, etc., tem sido muito empregada também a favor da manutenção da biodiversidade, em casos principalmente de crimes contra a fauna, como fraudes em carnes, tráfico de animais brasileiros e biopirataria.

2.3 GENÉTICA FORENSE: DO DNA NUCLEAR ATÉ O DNA BARCODING

Inicialmente a identificação genética era feita através da análise do DNA nuclear, pois possui materiais genéticos do pai e da mãe, entretanto atualmente o DNA mitocondrial (DNAmít ou mtDNA), tem sido muito usado para a identificação biológica de parentesco. Este DNAmít é encontrado dentro das mitocôndrias (organelas celulares que realizam a respiração celular), bastante resistente à ação de enzimas, o que o torna um ótimo material para estudos forenses. O DNAmít é muito utilizado também quando o DNA nuclear não for suficiente ou houver pequena quantidade de material para análise ou ainda quando o material estiver degradado ou contaminado, já que há um número bem maior de cópias dele nas células (dentro das mitocôndrias). Ele também possui uma certa proteção quanto a degradação do material, pois a mitocôndria tem membrana dupla (PINTO,2016).

O DNAmít apresenta somente o padrão de herança materna, ou seja, em todos os familiares por parte de mãe, a sequência é idêntica. O fato do DNAmít ser haplóide, faz com que haja apenas uma sequência que possa ser detectada no organismo. Sua vantagem também está no tamanho pequeno e estrutura simples, quando comparado ao genoma nuclear. (Harrison,1989).

Para a análise de provas que possam indicar crimes ambientais, utiliza-se a Biologia Forense, que segundo Santos (2019), é a ciência responsável por fornecer informações que ajudam a solucionar crimes, utilizando vestígios biológicos como prova.

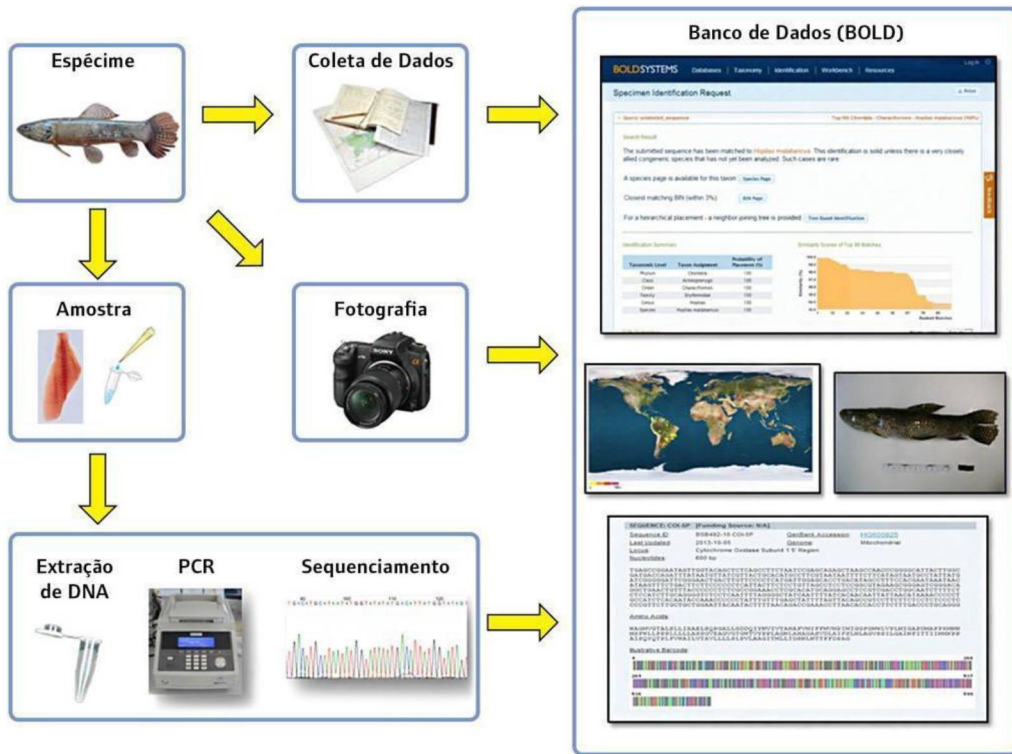
Segundo Harrison (1989) o DNAmít é muito utilizado em estudos para caracterização de populações, espécies, subespécies e estudos relacionados ao caráter evolutivo e filogenético. Também é amplamente aplicado, como evidência forense em casos litigiosos, como de detecção de caça e coletas ilegais de animais silvestres. A análise do DNAmít é possível até em amostras degradadas e com pouca quantidade de DNA, por isso é considerado uma ótima ferramenta forense (CARVALHO, 2013).

É possível fazer a classificação taxonômica de carnes apreendidas, ovos, peles, dentre outros materiais biológicos, obtendo resultados confiáveis (HEBERT et al., 2004; CARVALHO, 2013). Em muitos países, utiliza-se a análise de DNAmít em investigações forenses relacionadas a conservação da biodiversidade. Essas análises possibilitam a identificação das espécies e a origem geográfica (população) das mesmas.

O sequenciamento de DNA, principalmente do genoma mitocondrial (gene COI e cyt B) foi utilizado em outros organismos senão o humano, inicialmente por Boore (BOORE et al., 1999, citado por GARRIDO 2017). A partir de então apresentou ampla aplicação, como quando o gene cyt B também foi utilizado, para identificação de espécies de aves apreendidas em tentativa de tráfico internacional (CARVALHO, 2013).

Hebert et al.(2003), na Universidade de Guelph (Ontário, Canadá), utilizaram pela primeira vez, um método que revolucionou a identificação de espécies através do sequenciamento de uma região do gene COI, com 648 pares de bases (pb). Esta região possui divergência nucleotídica entre os indivíduos, o que possibilita a distinção das espécies. Essa metodologia foi denominada DNA Barcoding (código de barras do DNA – FIGURA 1).

FIGURA 1: ESQUEMA DO MÉTODO DE DNA BARCODING



Fonte: (Genética na Escola | Vol. 10 | N° 1 | 2015)

3 METODOLOGIA

3.1 PÚBLICO ALVO E DELINEAMENTO DAS ETAPAS DO TRABALHO

O público alvo deste trabalho foram todos os estudantes do 3º ano do Ensino Médio do Colégio Estadual Dr. Clotário Portugal, Campo Largo, Paraná, no ano de 2018, do período da manhã. Os estudantes foram convidados a participar em contra turno, de atividades sobre o ensino de Biologia e de Genética. A partir deste convite, 20 alunos se propuseram a participar das atividades, que foram desenvolvidas sem incremento da nota na disciplina de Biologia.

As atividades deste trabalho foram realizadas entre os meses de abril a outubro do ano de 2018, com encontros semanais de 1h a 2h cada um deles, com o desenvolvimento de atividades investigativas relacionadas aos conteúdos de genética do 3º ano do Ensino Médio. Foram também retomados, alguns conteúdos de anos anteriores como citogenética, biologia molecular, diversidade da fauna brasileira, nomenclatura científica, taxonomia e filogenia.

Etapa 1: equipes de trabalho e realização das atividades da sequência didática

Os estudantes formaram equipes de até 5 integrantes, para que o trabalho fosse mais efeito, principalmente em relação as discussões. A utilização dos dispositivos móveis pelos estudantes foi muito importante, porque os textos da sequência didática foram disponibilizados em pdf e word, para evitar gasto desnecessário de papel. Além deste fator, houve a necessidade de as equipes estarem sempre fazendo pesquisa utilizando a internet, para ampliar seus conhecimentos sobre os mais variados conteúdos e resolverem os problemas e atividades que compõe a sequência didática.

Etapa 2: desenvolvimento de um jogo didático

Ao final do desenvolvimento da sequência didática, foi proposta a produção de um jogo didático que envolvesse conteúdos relacionados à sequência e que tivesse conotação investigativa. Ele foi testado quanto a sua jogabilidade, sendo estabelecido número de participantes e tempo necessário para jogo ser aplicado em sala de aula.

3.2 SEQUÊNCIA DIDÁTICA SOBRE OS CONTEÚDOS DE GENÉTICA DO ENSINO MÉDIO

A sequência didática foi desenvolvida com atividades de cunho investigativo, que oportunizam a apropriação dos conteúdos e construção do conhecimento e contextualização dos conteúdos relacionados aos temas propostos. A compreensão dos conteúdos foi imprescindível para a construção do jogo didático, que relaciona a Genética Forense e Genética da Conservação.

As atividades práticas propostas utilizaram materiais de fácil aquisição, e foram aplicadas em sala de aula ou no laboratório de Biologia do próprio colégio. Os estudantes também foram estimulados a pesquisar, discutir e buscar soluções aos diversos tipos de atividades trabalhadas, agindo de forma criativa, participativa e coletiva.

Além da prática coletiva, para o acesso ao conhecimento necessário, houve discussões entre a professora e os estudantes, buscando-se o incentivo a pesquisa e possíveis contextualizações dos conteúdos abordados. Estas atividades fornecem subsídios para o entendimento de conceitos e o entendimento prático de como a genética pode ser aplicada no dia a dia (APÊNDICE 1). Durante esta etapa também, os estudantes foram motivados a ler textos previamente selecionados, uma aula antes de cada tema ser trabalhado, pois tendo conhecimento prévio, há maior possibilidade de haver discussão e participação nas aulas. Durante as aulas, houve a necessidade de complementações dos textos, através de novas pesquisas, para incrementar as discussões, e ampliar o conhecimento de cada um dos conteúdos trabalhados. Estes conhecimentos foram fundamentais, para que os estudantes pudessem elaborar e entender o jogo, pois ele foi baseado em conteúdos de genética, relacionados a situações do dia a dia, possibilitando, portanto a contextualização e o aprendizado significativo.

Dentre as atividades práticas desenvolvidas, destacamos: a extração de DNA de morango e da mucosa bucal humana; simulação de teste de paternidade utilizando uma atividade de livro didático; práticas para comparar sequências de aminoácidos de diversos animais; atividades relacionadas a tipos de mutações genéticas, DNA mitocondrial, DNA fingerprint, DNA *Barcoding*, e também uma prática de simulação de um crime humano, na qual foram desenvolvidos vários conteúdos relacionados a genética forense.

3.3 ELABORAÇÃO DE UM JOGO DIDÁTICO

Como produto final, as atividades foram encerradas com a produção de um jogo didático produzido durante três encontros. Para a produção do mesmo, os estudantes deveriam ter ao menos noções básicas dos conteúdos relacionados a biologia molecular (DNA, genes, sequências de bases, mutações e genética forense), banco de dados de nucleotídeos (NCBI, GenBank, BOLD Systems), nomenclatura científica, taxonomia, filogenia, diversidade biológica, crimes ambientais envolvendo animais, todos temas desenvolvidos durante a aplicação da sequência didática.

O jogo foi produzido ao final da aplicação da sequência didática (APÊNDICE 2), com a mediação da professora, e participação dos estudantes. Dois estudantes se ofereceram para a produção do jogo didático, pois tinham conhecimento de informática e web design e uma das finalidades do jogo era usar tecnologias.

No primeiro encontro, foi decidido que o jogo teria dois casos, que tratariam de diferentes tipos de problemas ambientais, relacionados a animais brasileiros. Os estudantes se basearam nos textos que foram trabalhados na sequência didática e em outros que foram pesquisados durante as aulas. Já com ideias sobre os casos que seriam desenvolvidos, foram elaboradas as histórias dos casos e as regras. Neste encontro, também foram feitos os esboços dos tabuleiros.

Em um segundo momento foi iniciado a elaboração das pistas do caso I: Peixe fora d'água. Foram desenvolvidos 3 tipos de pistas: com pequeno texto, com QR Codes, que são lidos e direcionam a site ou sequências de bases e os que pista que utilizam lupa. Para este último tipo de pista, os estudantes fizeram impressão do texto com cor azul e sobre ele, utilizaram rabiscos com cor vermelha, para que a visualização fosse dificultada. Para se fazer a leitura destas pistas, o jogador deve utilizar uma lupa, cuja lente foi pintada com tinta de vitral vermelho (foram produzidas também, lupas com material alternativo que, apesar de não ter grau de aumento, permite a leitura da pista).

No último encontro, foram elaboradas as pistas do caso II: Penas e peles. Foram feitas revisões e melhorias nas pistas do caso I e reestruturados os tabuleiros. Em seguida, os estudantes iniciaram a produção tecnológica do jogo.

Ao final do processo, a fim de verificar a jogabilidade do jogo didático produzido, oito estudantes, que não participaram da criação do jogo, voluntariamente testaram os dois casos de crimes ambientais que fazem parte do jogo didático: **Detetive Forense em Crimes Ambientais**. A testagem aconteceu durante uma tarde toda, nas dependências do Colégio Estadual Dr. Clotário Portugal. Foram feitas várias jogadas, a fim de se estabelecer número

apropriado de jogadores, para que se pudesse sugerir a utilização do jogo, durante 1 aula ou mais de Biologia. As pistas também foram testadas, a fim de se perceber se estavam claras e bem elaboradas.

A testagem do jogo se deu, para verificar a possibilidade de propor o jogo, para que outros professores de Biologia possam utilizá-lo nas suas aulas de Genética.

3.4 TUTORIAL SOBRE GENÉTICA FORENSE EM CRIMES AMBIENTAIS

Este tutorial é destinado aos professores, com a finalidade de dar suporte teórico referente a genética da conservação, DNAmít, e a técnica do DNA Barcoding, temas encontrados em abundância tanto na sequência didática, quanto no jogo Detetive Forense em Crimes Ambientais (APÊNDICE 4). O tutorial não foi testado com professores de Biologia, pois é somente uma sugestão de leitura.

3.5 PERCEPÇÃO SOBRE A SEQUÊNCIA DIDÁTICA E O JOGO

Após a conclusão das atividades, para que a opinião dos estudantes fosse analisada, um questionário foi aplicado. Esse questionário embasou os ajustes necessários para outra possível aplicação tanto da sequência, quanto do jogo didático por outros professores de Biologia.

O preenchimento deste questionário não foi obrigatório, e ele foi composto por 5 questões abertas (APÊNDICE 3) a respeito das impressões que os participantes tiveram sobre as atividades desenvolvidas.

O questionário não foi utilizado como ferramenta para validar a metodologia aplicada, mas para que os dados fossem analisados como diagnóstico tanto da sequência quanto do jogo didático, e fornecessem subsídios para a adequação dos mesmos.

4 RESULTADOS

4.1 SEQUÊNCIA DIDÁTICA

Esta sequência didática foi criada como uma sugestão de atividades e textos, para que os professores tenham subsídios para trabalhar e revisar conteúdos de biologia, principalmente relacionados à Genética, que darão possibilidade para que os estudantes tenham conhecimento de situações relacionadas ao jogo didático, proposto neste trabalho.

Os textos propostos têm relação com temas atuais, de aplicação da Genética Forense e da Conservação da fauna brasileira, bem como de biologia molecular. Eles foram escolhidos, por serem informativos e de fácil entendimento.

Para trabalhar os textos, sugere-se que os estudantes façam a leitura dos mesmos, antes da aula a ser trabalhado o tema. Durante a aula, com as leituras já realizadas, os estudantes se reúnem em equipes para poderem analisar e discutir os textos e, se possível e necessário, pesquisar outros para a complementação do assunto. Cabe ao professor, nesse processo, instigar, orientar, motivar as discussões visando maior qualidade e aprofundamento dos temas.

Para iniciar o processo, há a necessidade de revisar alguns conteúdos básicos, dos anos anteriores como: nomenclatura científica, taxonomia, filogenia, animais da fauna brasileira, cromossomos, DNA nuclear e mitocondrial, cariótipos, que serão utilizados nas atividades da sequência didática. Além dos conteúdos de revisão, também são sugeridas atividades com conteúdos de Genética de 3º ano, que tem relação com os demais, para que os estudantes tenham conhecimentos de todos os conteúdos que estão relacionados ao jogo, e possam divertir-se ao final, como jogo proposto (**Detetive Forense em Crimes Ambientais**). Ele tem o objetivo de contextualizar a Genética, em campos diferenciados, que não costumam ser explorados na sala de aula.

Vale ressaltar que esta sequência didática não tem a intenção de substituir os conteúdos programáticos, mas possibilitar outro encaminhamento e sentido aos conteúdos trabalhados no Ensino Médio. Ela visa dar subsídios para que a Genética seja percebida não como geralmente é trabalhada em sala, mas como uma Ciência que está presente em nosso dia a dia.

Muitos dos textos e atividades sugeridos foram adaptados de livros, sites e aplicativos, a fim de facilitar sua utilização em sala.

A sequência inicia com práticas de Extração de DNA (APÊNDICE1-ATIVIDADE 2) de banana, morango e mucosa bucal, mostrando que a biomolécula está presente em todos

os seres vivos. Os estudantes podem ser divididos em equipes e cada equipe realiza um dos protocolos de extração de DNA. Ao final são feitas análise e discussões das práticas.

Após a prática de DNA, sugere-se o desenvolvimento de atividades de revisão, relacionadas à citogenética como núcleo celular, cromossomos, cariótipos (APÊNDICE 1- ATIVIDADE 1), DNA nuclear (APÊNDICE 1 - ATIVIDADE 2), RNAs, síntese proteica (APÊNDICE 1 – ATIVIDADE 2).

Após estes conteúdos, há a necessidade de se comparar o DNA nuclear, com o mitocondrial, pois este último é muito utilizado nas técnicas de genética forense e da conservação. Propõe-se que os estudantes sejam estimulados a pesquisar as diferenças e leiam o texto proposto no APÊNDICE2 - ATIVIDADE 3.

Em seguida, há a possibilidade de se aplicar a simulação do teste de DNA (APÊNDICE 1 - ATIVIDADE 3), o qual utiliza conhecimentos referentes a sequência de bases do DNA, enzimas de restrição (biotecnologia) utilizada no processo. Nesta atividade, os estudantes entenderão como o processo é realizado e terão oportunidade de analisar as bandas do DNA, para concluir quem é o pai de uma criança e um criminoso, propostos na atividade.

Logo após esta atividade, há uma atividade relacionada a DNA mitocondrial (APÊNDICE 1-ATIVIDADE 3), para solucionar casos de indivíduos da mesma família, reconhecidos através do DNA matriarcal. Esta é uma atividade de cunho forense, para que os estudantes vão se familiarizando com a ideia da utilização em grande parte dos casos, principalmente de crimes ambientais.

Para entender como acontecem alguns tipos mutações gênicas, comumente encontradas em seres vivos, há uma atividade na qual os estudantes aprendem a utilizar a tabela de Código Genético, a qual é importante para o entendimento das sequências de bases e os aminoácidos correspondentes, para a síntese proteica (APÊNDICE 1- ATIVIDADE 4).

Todos os estudantes podem participar de uma simulação de cena de crime, que está descrita no APÊNDICE 1-ATIVIDADE 5. A atividade é composta por cartas com pistas, descrição dos suspeitos e da vítima, banco de dados de criminosos, DNA dos suspeitos e vítima, etc.

Em seguida, os estudantes deverão: ler, pesquisar, discutir sobre as técnicas utilizadas para sequenciamento de DNA e os bancos de dados genéticos, pois hoje são muito utilizados para diversos fins, e tem informações de inúmeras espécies de seres vivos, servindo como fonte para reconhecimento dos mesmos em vários estudos e para consulta, em caso de crimes ambientais. Há a sugestão de vários textos (APÊNDICE 1-ATIVIDADE 6), para

serem lidos e discutidos pelos estudantes sobre alguns bancos de dados (GenBank e BOLD Systems- *DNA Barcoding*) existentes e que serão utilizados inclusive no jogo: **Detetive Forense em Crimes Ambientais**.

Logo após, indica-se a leitura do texto sobre crimes ambientais (APÊNDICE 2 - ATIVIDADE 7), a qual pode ser dividida em pequenas equipes para ser discutida posteriormente.

Optou-se em aprofundar mais sobre crimes contra a fauna, pela grande quantidade de conteúdos correlacionados. Para isso, sugere-se vários textos na íntegra e adaptados, que podem ser desenvolvidos em sala, e apresentados através de dramatizações, painéis, infográficos, STOP MOTION, mini palestras, construção de blogs, produção de sites, dentre outros, de modo que as informações sejam repassadas e possam possibilitar a reflexão sobre os crimes ambientais e fraudes em alimentos, indicados nos textos. Muitos dos textos fazem menção às técnicas de DNA utilizadas para detectar dos crimes ambientais.

Para a familiarização do uso de banco de dados, propõe-se a utilização da prática Código de Barras de DNA: uma atividade para identificação de espécies e a dos dinossauros (APÊNDICE 1- ATIVIDADE 8). Sugere-se que seja realizada em dupla ou trio, necessitando de dispositivo móvel, com a página de acesso ao banco de dados aberta (GenBank Link: <https://goo.gl/YyNfwg>). Fica a critério do professor, desenvolver a prática com as questões de discussão, sugerida no protocolo da atividade, ou somente utilizar as sequências de bases, para entender como usar o GenBank.

Outra prática para familiarização do uso de banco de dados é a atividade dos insetos (APÊNDICE 1- ATIVIDADE 8). Esta atividade demanda um tempo maior, devido à dificuldade apresentada. Sugere-se duplas ou trios de estudantes, para a resolução da mesma.

Acredita-se que através da contextualização de conteúdos, proposta neste trabalho, a biologia, em específico a genética, possam ser vivenciadas pelos estudantes proporcionando maiores conhecimentos, aprendizado efetivo e melhorando a qualidade de vida dos aprendizes.

Depois de todos esses conteúdos desenvolvidos, os estudantes são convidados a jogar.

4.2 JOGO: DETETIVE FORENSE EM CRIMES AMBIENTAIS

Como resultado da produção de um jogo ao final da execução da sequência didática, chegou-se a um jogo de tabuleiro, que pode ser confeccionado com matérias reciclável e alternativo a partir do modelo aqui descrito.

O jogo é composto por 2 Tabuleiros; 58 Cartões-pista (Caso I: 28 Cartões-pista e Caso II: 30 Cartões-pista); 4 Lupas; 8 Peões; 2 dados; Livro de Respostas; papéis para anotações e canetas.

Para englobar a maior quantidade de conteúdos abordados na sequência didática proposta, o jogo foi idealizado e dividido em dois casos.

O **Caso I: Peixe fora d'água** versa sobre crimes envolvendo consumo de carne de peixes contaminada por uma indústria (que elimina dejetos tóxicos na água do rio que passa pela cidade) ou mesmo por fraudes nas carnes de peixes consumidos.

Este caso apresenta três possibilidades para jogar: 1. Jogo curto: para ser jogado em uma aula de biologia (com a investigação de um criminoso); 2. Jogo Médio: para encontrar dois criminosos (podendo passar de uma aula, ideal para aulas geminadas) e 3. Jogo Longo: possibilidade mais longa de jogo, tempo necessário de duas a três aulas geminadas, pois a quantidade de pistas a serem analisadas é bem maior para encontrar três criminosos.

Também para ampliar a possibilidade de ser jogado em uma aula, o caso I foi dividido em 2 opções, para encontrar um criminoso.

O **Caso II: Penas e Peles**, apresenta somente uma forma de jogar, com três criminosos a ser descobertos, equivalente ao jogo longo do caso I, onde são necessárias de duas a três aulas geminadas para a finalização do jogo. É um caso que passa por vários lugares, em continentes diferentes e envolve crimes ambientais relacionados a animais que são traficados para uso de penas e peles comercialmente.

Para a testagem da jogabilidade, foram convidados estudantes voluntários, que não participaram da elaboração do jogo. Foram analisados o tempo de duração do jogo em cada caso e modalidade testadas, possíveis falhas na sequência do jogo, possíveis dificuldades apresentadas, funcionamento de QR Codes e o uso dos bancos de dados genéticos. A testagem foi feita em um encontro, no contra turno por oito estudantes, que analisaram todos os detalhes do jogo, para fazer os possíveis ajustes. Dividiram-se em duas equipes, com quatro estudantes cada uma e após lidas as regras iniciaram o jogo. Primeiramente foi testado o jogo do **Caso I: Peixe fora d'água**, em suas três possibilidades de jogo: Curto, Médio e Longo e em seguida o **Caso II: Penas e peles**.

Ambos os casos podem ser jogados a partir de quatro jogadores (duas duplas). Se optarem por jogar em equipe, a maior a quantidade de jogadores é de quatro jogadores por equipe. Quanto maior número de jogadores, mais rápido o jogo será finalizado, pois em equipe as discussões das pistas e a solução dos crimes tornam-se mais ágil e fácil. Porém o número máximo de jogadores por equipe não deve exceder quatro jogadores.

O jogo foi utilizado como ferramenta didática para que pudesse envolver os adolescentes e mantê-los motivados até o final da tarefa, objetivando a qualidade da aprendizagem.

4.2.1 Testando a Jogabilidade

Segundo o dicionário Aulete Digital, o termo jogabilidade significa: “qualidade ou condição de um jogo (esp. jogo eletrônico) que o tornam fácil de ser jogado (no controle de suas funções, na rapidez de suas respostas à ação do jogador, na clareza de seus objetivos e métodos etc.)”.

O dicionário Nossa Língua Portuguesa Online, traz como definição do termo: “qualidade de um jogo que o torna fácil de ser jogado ou que torna possível jogá-lo de muitas maneiras distintas”.

Para Tavares (2011), a jogabilidade é a facilidade de jogar o jogo. O mesmo autor afirma que o jogo deve ser fácil o bastante para ser acessível, mas deve também oferecer dificuldades e desafios.

Para fazer o teste da jogabilidade e sua aplicação, os estudantes dos 3º anos do Ensino Médio (FIGURA 2), foram reunidos em uma sala disponibilizada pelo Colégio Estadual Dr. Clotário Portugal, Figura 2.

FIGURA 2: ESTUDANTES VOLUNTÁRIOS, PARA O TESTE DA JOGABILIDADE



Fonte: a autora

Os dois casos do jogo tiveram as suas jogabilidades cronometradas, a fim de verificar a possibilidade de serem aplicados durante uma ou mais aulas de Biologia.

Alguns dos estudantes tiveram um pouco de dificuldade inicial, com acesso ao wifi do colégio, que estava muito lento. Não houve dificuldade para entender e acessar os bancos

de dados, nem fazer a leitura com QR Codes (FIGURA 3), pois eles já haviam feito algumas atividades para se familiarizarem com esses instrumentos tecnológicos.

FIGURA 3: LEITURA DE PISTA, COM AUXÍLIO DE QR CODE



Fonte: a autor

Para que o jogo tivesse um formato de investigação científica, foram elaboradas pistas impressas com cor azul e por cima da pista foram desenhadas linhas em vermelho (códigos de leitura), para dificultar a leitura. Para que fossem decifradas estas pistas, os estudantes utilizaram lupas produzidas com papelão e plástico vermelho ou lupas comerciais com as lentes pintadas em vermelho (FIGURAS 4,5 e 6).

FIGURA 4 JOGO DO CASO I: PEIXE FORA D'ÁGUA



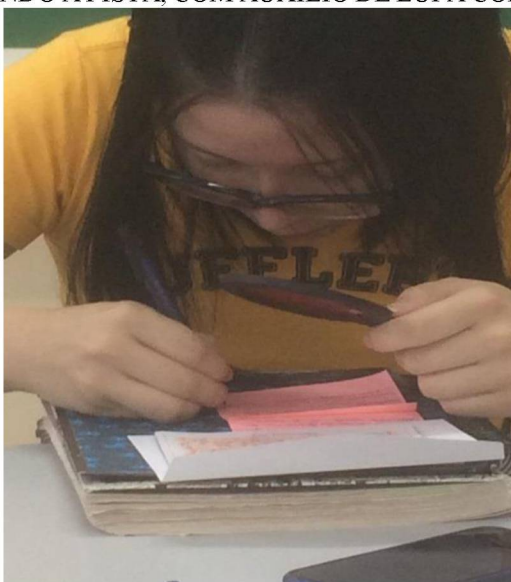
Fonte: a autora

FIGURA 5: PISTA SENDO LIDA COM AUXÍLIO DE LUPA COM LENTE VERMELHA



Fonte: a autora

FIGURA 6: ESTUDANTE LENDO A PISTA, COM AUXÍLIO DE LUPA COM LENTE VERMELHA



Fonte: a autora

O primeiro caso testado foi do Caso I: Peixe fora d'Água, que diz respeito a investigação de carnes de peixes, consumidas em uma pequena cidade, onde investiga-se o consumo de carne de peixe contaminada ou fraude na carne de peixe comercializada (dizendo se tratar de carne de peixe de uma determinada espécie de valor comercial elevado, quando é comercializada carne de peixe de uma espécie de menor valor comercial). Cada envelope contém um tipo diferente de pista, podendo ser em forma de QR Code, que encaminha o jogador a banco de dados para encontrar o nome científico da espécie, bem como dados sobre ela, pistas que descrevem algum suspeito ou dá indício do crime e pistas com código de leitura para ler com lupa (FIGURAS 6 e 7).

FIGURA 7: CARTÕES COM PISTAS



Fonte: a autora

Para determinarmos a duração do jogo, os casos foram testados duas vezes. O Caso I demorou 45 e 42 minutos, respectivamente, para encontrar um criminoso. As equipes formadas por quatro estudantes discutiram e analisaram as pistas em conjunto, o que facilitou o desvendamento do caso (FIGURAS 8 e 9).

Quando o caso I foi jogado da forma completa, com dois ou três criminosos, o tempo ultrapassou 1 hora de jogo. Assim, sugere-se que seja jogado em aulas geminadas ou até seria possível utilizá-lo para jogar em outros momentos, como em um projeto no contra turno.

Ao final do teste de jogabilidade do Caso I, os estudantes relataram não terem encontrado dificuldades, pois os conteúdos trabalhados na sequência didática deram subsídio para que o jogo ocorresse com fluidez.

FIGURA 8: EQUIPE ANALISANDO E DISCUTINDO SUAS PISTAS



Fonte: a autora

O segundo caso testado, foi o PENAS E PELES (FIGURA 13), que se refere a crimes ambientais internacionais, ligados a tráfico de penas e peles de diferentes tipos de animais brasileiros, para produção de vestuário.

FIGURA 9: TABULEIRO DO CASO II: PENAS E PELES



Fonte: a autora

Em relação a este caso, percebeu-se que somente seria possível aplicá-lo durante aulas geminadas, pois ele requer maior tempo de jogo (na testagem levou 1h20min), por ter uma trama mais complexa que envolve vários criminosos. Portanto, é o caso mais trabalhoso e demorado para analisar as pistas, sendo indicado jogá-lo em equipe de no mínimo dois participantes, o que torna mais fácil a solução, pois é rico em detalhes para desvendar os crimes (FIGURA 10).

FIGURA 10: ESTUDANTE FINALIZANDO O JOGO, APÓS EQUIPE CHEGAR A UM CONSENSO SOBRE O CRIME



Fonte: a autora

4.2.1.1 Impressões sobre a aplicação da sequência didática

Após a finalização de todas as etapas, foi aplicado um questionário norteador sobre a sequência didática e sobre o jogo.

Sobre a sequência didática, duas questões foram elaboradas: 3 e 4. Na questão 3 houve o questionamento se foi mais interessante estudar os conteúdos de Biologia, com o tipo de atividades que foram desenvolvidas. Segue a transcrição das respostas:

O estudante A respondeu que “sim, pois ajudou a entender tanto os conteúdos de genética, quanto o jogo”.

Para o estudante B, que respondeu afirmativamente, “desta maneira ficou mais fácil e divertido aprender genética”.

Também houve afirmação do estudante C, e acrescenta que “os conteúdos de biologia ficaram mais dinâmicos e, de certo modo, até palpáveis. Não há necessidade de imaginar como seria a transcrição e tradução de DNA se você pode fazê-las utilizando materiais que simulem essa ação, por exemplo”.

Para D, além de responder positivamente, acrescenta que “este tipo de atividade foi extremamente interessante e inovador”.

O estudante E respondeu “sim e que é uma forma de lembrar os conteúdos, que poderão ser usados em vestibular”.

O estudante F limitou-se a responder “sim”.

Para G, “os conteúdos de Biologia se mostraram muito interessantes ao longo de todo o processo e as atividades práticas foram o aprendizado mais interessante. Este tipo de atividade aumenta o interesse e potencializa a eficiência do estudo”.

O jogo, para o estudante H, “facilitou o entendimento do conteúdo, tornando mais prazeroso o aprendizado”.

Em relação à questão 4, os estudantes foram questionados se mudariam alguma coisa na proposta apresentada. Segue transcrição das respostas:

Para o estudante A, “não deveria mudar nada, pois a proposta apresentada foi muito bem desenvolvida”.

Segundo os estudantes B e C a proposta foi ótima e também não mudariam nada. O estudante C ainda acrescenta que “apenas abriria um adendo para que mais alunos (interessados e de outras séries) pudessem participar!”.

O estudante D relata que “enquanto jogava, não notou nenhuma falha, acreditando haver possibilidade de o jogo ser utilizado nas aulas de biologia. Não mudaria nada, porém fez crítica ao colégio que poderia ter incentivado o projeto”.

Assim como os demais, o estudante F também não mudaria nada, e achou a proposta muito boa.

O estudante G relata que “não mudaria nada, pois não encontrou dificuldade durante o desenvolvimento da proposta”. Achou que “foi muito bem estruturada, tendo em vista que as aulas anteriores a aplicação das atividades contemplou todos os conteúdos necessários para a execução do jogo”.

Como os demais, H “não mudaria nada. Achou a proposta muito interessante e criativa”.

4.2.1.2 Impressões sobre a aplicação do jogo

Assim como na sequência didática, foram elaboradas duas questões relacionadas a aplicabilidade do jogo, e a possibilidade de ser utilizado por outros professores de Ensino Médio, questões 2 e 5.

Na questão 2, os estudantes foram questionados a respeito da possibilidade de a atividade melhorar o aprendizado dos conteúdos desenvolvidos. Segue a transcrição das respostas:

O estudante A afirma que: “há possibilidade, pois o jogo não só “toca no assunto” de crimes ambientais, mas também faz o uso de tecnologias, como o uso de QRCode para os jogadores decifrarem os códigos genéticos de maneira mais recreativa e também inova com uso de banco de dados de genética”.

Concordando com o A, o estudante B justifica que “além das atividades terem sido feitas em equipe, foram criadas “histórias” com o conteúdo, o que facilitou a aprendizagem”.

O estudante C comenta que em sua experiência, pode afirmar que “atividades diferentes e maneiras alternativas de trabalhar o assunto em questão melhoraram o seu aprendizado, pois depois de cada aula ou matéria estudada há a expectativa e curiosidade de como o próximo assunto seria tratado e quais seriam as ferramentas utilizadas”.

Assim como os demais, o estudante D afirma que as atividades melhoraram o aprendizado e que “as atividades escolares tendem a ser sem graça e acabam por fazer com que os estudantes tenham desinteresse. Porém acredita que o uso de tecnologia, jogos, brinquedos, facilita significativamente o aprendizado”.

O estudante E respondeu afirmativamente, pois acredita terem utilizado os conhecimentos adquiridos durante o processo, para solucionar os crimes do jogo.

Também há a afirmação na resposta dada pelo estudante F, o qual relata que “a atividade possibilita melhor aprendizado, pois apesar do conteúdo não ser muito fácil e o jogo ajuda no entendimento do conteúdo, pois é algo descontraído”.

Para o estudante G, “este tipo de atividade proporciona um aprendizado eficaz, pois após a teoria ser compreendida, os processos são aplicados na prática e essa execução faz com que os conteúdos sejam vinculados e assimilados de uma forma mais homogênea, compreendendo sua totalidade”.

O estudante H além de confirmar, responde que “com certeza há aprendizado, pois o que foi desenvolvido para se chegar no jogo, foram situações do dia a dia e o jogo possibilitou aprender melhor sobre elas”.

A questão 5 era sobre possíveis dificuldades encontradas, durante o desenvolvimento das atividades. Segue a transcrição das respostas:

“O fator que talvez tenha atrapalhado um pouco a atividade, foi o fato da internet do colégio estar muito lenta, impossibilitando que se tivesse acesso mais rápido a leitura dos QR Codes e sites de banco de dados. Isso atrapalhou um pouco o andamento para desvendar as pistas”, relata o estudante A.

A maior dificuldade para B, foi a utilização do GenBank, nas atividades da sequência didática. “Demorou para entender o procedimento para encontrar as respostas das atividades, porém durante o jogo, como já estava familiarizado, não teve dificuldades.”

Durante as atividades o estudante C não teve dificuldades, pois “todos os tópicos (conteúdos), eram sempre bem estudados e as dúvidas eram sanadas”.

Não houve dificuldade para o estudante D, e acrescenta que “o raciocínio teve influência, pois os estudantes foram ‘tirados da zona de conforto’, para poderem fazer as atividades, o que provou a capacidade que eles têm em realizar atividades mais difíceis. Para o estudante, a atividade provou ser extremamente positiva”.

Para E a dificuldade surgiu no início do jogo, quando teve que ler as cartas com o auxílio da lupa. Em relação ao restante não teve nenhum tipo de problema.

Como já havia facilidade com os conteúdos, F relatou que “não houve dificuldade para jogar”.

Assim como a maioria, G não sentiu dificuldade para jogar, nem para realizar as atividades durante o processo. Ele descreve que “dessa forma, a experiência transcorreu com bastante fluidez e os objetivos foram atingidos”.

O estudante H sentiu um pouco de dificuldade na primeira vez que utilizou banco de dados, mas durante o jogo não houve nenhum problema.

5 DISCUSSÃO

O que se pôde perceber durante todo o processo, é que as leituras dos textos propostos na sequência didática facilitaram muito a compreensão posterior das atividades realizadas. Apesar de muitos dos textos serem longos, houve boa interpretação e compreensão, devido às trocas de informações e discussões entre os estudantes e entre eles e a professora. O objetivo não era a interpretação minuciosa dos textos, e sim o entendimento do contexto a que ele se propunha.

A maioria das atividades foi desenvolvida sem dificuldades, e as que exigiram maior dedicação dos estudantes, foram as práticas e a simulação de um crime que necessitaram de mais pesquisa, análise e interpretação dos resultados.

Em relação as atividades que necessitavam de pesquisa em banco de dados, ficou muito evidente que as dificuldades foram maiores. Houve necessidade durante a sequência didática, de adequação dessas atividades, de modo que ficassem mais acessíveis ao entendimento.

Levando em consideração toda a sequência didática, para se chegar ao jogo, houve pouca adequação de atividades, pois os estudantes trabalharam em equipes, havendo muita troca de ideias, análises e discussões, o que facilitou muito o desempenho das atividades. Para Carabetta (2010), o professor necessita planejar seus procedimentos didáticos, de modo que sejam instigantes aos estudantes de modo que reflitam apliquem os conteúdos, em situações problemas.

Rodrigo (2011) afirma que o jogo oferece o estímulo e ambiente propícios ao desenvolvimento espontâneo e criativo dos estudantes. Permite ao professor ampliar o conhecimento de novas ferramentas de ensino, mostrando o conteúdo de uma forma lúdica, prazerosa e participativa.

A realização atividades em equipe mostrou-se muito significativa e com ótimos resultados, pois havendo troca de experiências e opiniões, houve um resultado mais satisfatório em relação à aquisição de conhecimentos. As atividades desenvolvidas possibilitaram a contextualização sobre os temas de Genética que são empregados em conservação e assim auxiliaram no jogo didático. Este apresenta situações relacionadas ao dia a dia, provando que há possibilidade de se trabalhar conteúdos do currículo, sem necessariamente serem da mesma série, mas que tenham inter-relação e sejam possíveis de serem contextualizados pelos estudantes, proporcionando aprendizagem. Corroborando essa ideia, Silva (2003, p. 20) ressalta que os estudantes devem ir à escola para adquirirem habilidades que lhes permitirão a aquisição de conhecimentos de maneira mais proveitosa.

Assim, serão formados indivíduos capazes de reformular conhecimentos adquiridos e que estarão em constante atualização.

Nesta pesquisa, pôde-se também observar o quão importante foi o jogo didático no processo de ensino aprendizagem de Genética, tendo o papel de colaborador efetivo na construção do conhecimento e na contextualização dos conteúdos. Como o jogo proposto envolve muitos conteúdos de biologia, especialmente de Genética, acredita-se que possa contribuir para que estudantes utilizem esses mesmos jogos, para aquisição de maiores conhecimentos dentro da disciplina de Biologia, como nas áreas da Genética Forense e da Conservação.

Para Hermann (2013), compreender genética envolve vários conceitos, geralmente difíceis para os estudantes e para facilitar o aprendizado, é necessária a utilização de atividades e práticas para o entendimento dos conceitos, bem como a utilização de ferramentas inovadoras como os jogos didáticos. Para a autora, os jogos são fundamentais para o processo de ensino aprendizagem, pois favorecem a construção do conhecimento do estudante.

Durante as discussões do teste da jogabilidade, pode-se notar o entusiasmo dos estudantes, nas tentativas de desvendar os crimes. Cada pista acrescida de outra, tornava a solução mais evidente. O desfecho do caso I ficou por conta da criatividade da equipe, em montar uma história que explicasse o crime.

Ao longo de todo o teste da jogabilidade dos dois casos, foram feitos questionamentos, sobre possíveis problemas ou dificuldades que os estudantes estavam encontrando e as equipes foram categóricas em responder que as pistas do jogo estavam muito claras e que ele é possível de ser aplicado com estudantes do Ensino Médio.

Alguns estudantes declararam não terem tido dificuldade, durante o jogo, com banco de dados, porém acreditam ser muito importante que os professores desenvolvam as atividades propostas sobre o tema, para que os estudantes consigam entender o processo de acesso e utilização dos bancos de dados genéticos.

Para Hermann (2013) é importante que o professor utilize questões problemas, em que os estudantes busquem soluções, construindo seu conhecimento. A mesma autora destaca que jogos são importantes e eficazes e que devem ser utilizados para que se obtenham melhores resultados no processo de ensino.

Pode-se constatar que a utilização do jogo produzido como produto final desta pesquisa, possibilitou aos estudantes envolvimento, sociabilidade, trabalho efetivo em

equipe, desenvolvimento de autonomia, criatividade e aprendizado significativo, pois para a sua produção houve a necessidade da aquisição de conhecimentos relacionados ao mesmo. A mesma impressão sobre jogos, teve Brão et al. (2015), relatando que “o jogo estimula os alunos a estudar o conteúdo previamente para que possam ter uma melhor participação nos jogos, que por ser uma brincadeira em equipe, possibilitam melhor compreensão e interligação dos conteúdos dados em aula”.

6 CONSIDERAÇÕES FINAIS

É importante que os professores, busquem novas ferramentas e metodologias de ensino, a fim de diversificar suas aulas tornando-as mais interessantes e atraentes para os estudantes.

Uma ferramenta muito utilizada, para o ensino de Genética são os jogos didáticos que são práticos, de fácil manipulação nas salas de aulas, tem baixo custo e promovem apropriação do conhecimento de maneira estimulante, facilitando o aprendizado.

A sequência didática e jogo didático aqui produzidos, podem ser utilizados, durante o processo de aprendizagem no Ensino Médio, para reforço de atividades relacionadas a pesquisa e consulta a banco de dados genéticos, bem como reforço de conteúdos previamente desenvolvidos no processo educativo.

Portanto, se as aulas de Genética forem desenvolvidas com o ensino investigativo, a aprendizagem dos estudantes será eficaz, em relação aos conteúdos trabalhados e as habilidades que os estudantes desenvolverão. Os jogos didáticos com certeza tornarão as aulas de Genéticas mais interessantes, interativas e motivadoras, o que sem dúvida, resultará em aprendizado de qualidade, com verdadeira construção de conhecimento.

REFERÊNCIAS

- ARAÚJO, B. A.; GUSMÕES, F. A. F. **As Principais Dificuldades Encontradas No Ensino De Genética Na Educação Básica Brasileira**. Encontro Internacional de Formação de Professores e Fórum Permanente de Inovação Educacional, v. 10, n. 1. Anais. 2017. p.1-11.
- BRÃO, A.F.S; PEREIRA A.M.T.B. Revista Electrónica de Enseñanza de las Ciencias Vol. 14, Nº 1, 55-76 (2015) 55. **Biocnética: Possibilidades do jogo no ensino de genética**. Universidade Estadual de Maringá, Brasil. Pontifícia Universidade Católica do Paraná, Brasil.
- BRASIL. **Lei Nº 9.605**, de 12 de fevereiro de 1998. Dispõe sobre as sanções penais e administrativas derivadas de condutas e atividades lesivas ao meio ambiente, e dá outras providências. Brasília. DOU de 13.2.1998.
- CABRERA, W. B. **A ludicidade para o Ensino Médio na disciplina de Biologia: Contribuições ao processo de aprendizagem em conformidade com os pressupostos teóricos da Aprendizagem Significativa**. Londrina ,2007, dissertação.
- CAMILA, P.A.S; AMORIM, A. P.S.; ALVES, J.J.; TCHAICKA, L. **Código de Barras de DNA: uma atividade para entender a identificação de espécies**. Revista Genética na Escola | Vol. 10, Nº 1. 2015
- CARABETTA, V. J. **Uma investigação micro genética sobre a internalização de conceitos de biologia por alunos do ensino médio**. Revista Contemporânea de Educação, Rio de Janeiro, v. 5, n. 10, p. 1-10, 2010.
- CARVALHO, C. B. V. The Use of DNA Barcoding to Identify Feathers from Illegally Traded Birds. **Brazilian Journal of Forensic Sciences, Medical Law and Bioethics**, v. 2, n. 4, p. 326- 332, 2013
- CASAGRANDE, G. L. **A genética humana no livro didático de biologia**. 2006. 103f. Dissertação (Mestrado em Educação Científica e Tecnológica) - Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, 2006.
- Convenção sobre Diversidade Biológica**. Conferência das Nações Unidas sobre Meio Ambiente e Desenvolvimento realizada na cidade do Rio de Janeiro, 1992.
- CUNHA, M.B. **Jogos no Ensino de Química** . QUÍMICA NOVA NA ESCOLA Vol. 34, Nº 2, p. 92-98, maio 2012
- FABRÍCIO, M.F. L.; OFÓLI, Z. M. F.; SEMEN, L. S. M.; LEÃO, A. M.A. C. **Compreensão das leis de Mendel por alunos de biologia na educação básica e na licenciatura**. *Ensaio* – Pesquisa em Educação em Ciências, Uberlândia, v. 8, n. 1, p. 12-25, 2006. Citado por MOURA 2013.
- FERRAZ, D. F.; TERRAZAN, E.A. - **Uso espontâneo de analogias por professores de biologia e o uso sistematizado de analogia: que relação?** Ciência & Educação, v.9 n. 2 p. 213 – 227, 2003.
- GALETTI Jr, P. M., RODRIGUES, F. P., SOLÉ-CAVA, A., MIYAKI, C. Y., CARVALHO, D., EIZIRIK, E., VEASEY, E. A., SANTOS, F. R., FARIAS, I. P., VIANNA, J. A.,

OLIVEIRA, L. R., WEBER, L. I., ALMEIDA-TOLEDO, L. F., FRANCISCO, M. R., REDONDO, R. A.F., SICILIANO, S., DEL LAMA, S. N., FREITAS, T. R.O., HRBEK, T., MOLINA, W. F. **Genética da conservação brasileira**.pp.244-274. 2008.In: Fundamentos de Genética da Conservação.

GARCIA, E. S.; CHAMAS, C. I. **Genética Molecular: avanços e problemas**. Caderno de Saúde pública, v. 12 n.1. Rio de Janeiro. Mai/jun. 1996 (citado por ROCHA, 2014).

GARCIA, P. S. **Qualidade e informática: a escola pública do ano 2000**.Artigo apresentado e publicado no Congresso Nacional de Informática Pública (CONIP) 1995, p.5.

HARRISON, R.G. 1989. Animal mtDNA as a genetic marker in population and evolutionary biology. **Trends Ecology and Evolution** 4, p. 6-11,1989.

HEBERT, P.D.N.; CYWINSKA, A.; BALL, S.L.; DEWAARD, J.R. Biological identifications through DNA *Barcodes*. **Proceedings of the Royal Society – Biological Sciences**, v.270, p. 313-321, 2003.

HEBERT, P. D. N.; STOECKLE, M. Y.; ZEMLAK, T.S.; FRANCIS, C. M. Identification of Birds through DNA Barcodes. **PLoS Biol**, v. 2, n. 10, p.311 e 312, 2004.

HEBERT, P. D. N.; RATNASINGHAM, S.; DEWAARD, J. R. **Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species**. Proc. R. Soc. Lond., v. 270, (Suppl. B), p. S96–S99, 2003.

JUSTINIANO, S. C. B.; MORONI, R. B.; MORONI F. T.; SANTOS, J. M. M. **Genética Revisando e Fixando Conceitos**. GENÉTICA NA ESCOLA *Ano 1*. v. 2, p. 51-53, 2006.

MASCARENHAS, M.J.O.; SILVA, V.C.; MARTINS, P.R.P.; FRAGA, E. C.; **Estratégias Metodológicas para o Ensino de Genética em Escola Pública**. Pesquisa em Foco, São Luís, vol. 21, n. 2, p. 05-24. 2016. ISSN: 2176-0136.

MORENO, A. B. **Genética no ensino médio: dos Parâmetros curriculares Nacionais à sala de aula**. Monografia. (Especialização em Ensino de Ciências).54p. Universidade do estado do Rio de Janeiro/Instituto de Biologia Roberto Alcântara Gomes/ Departamento de Ensino de Ciências e Biologia, Rio de Janeiro, 2006.

MORENO, A. B. **Genética no ensino médio: dos Parâmetros curriculares Nacionais à sala de aula**. Monografia. (Especialização em Ensino de Ciências).54p. Universidade do estado do Rio de Janeiro/Instituto de Biologia Roberto Alcântara Gomes/ Departamento de Ensino de Ciências e Biologia, Rio de Janeiro, 2006.

PAIVA, M. R. F.; PARENTE, J. R.F.; BRANDÃO, I.R.; QUEIROZ, A.H.B.**Metodologias ativas de ensino-aprendizagem: revisão integrativa**. SANARE, Sobral - V.15 n.02, p.145-153, jun./dez. - 2016 – pág.147.

PARANÁ. Secretaria de Estado da Educação. Diretrizes Curriculares da Educação Básica. Curitiba: Seed/DEB-PR, 2008.

PEDRANCINI, V. D.; GALUCH, M. T. B.; MOREIRA, A. L. O. R.; RIBEIRO, A. C. **Ensino e aprendizagem de biologia no ensino médio e apropriação do saber científico e biotecnológico.** Revista Electrónica de Enseñanza de las Ciencias, Chile, v. 6, n. 2, 2007.

PIORSKI, NM.; SANCHES, A.; CARVALHO-COSTA, LF.; HATANAKA, T.; CARRILLO-AVILA, M.; FRAEITAS, PD.; GALETTI, Jr., PM. **Contribuição da Genética da Conservação para o conhecimento da biodiversidade dos peixes de água doce neotropicais.** Disponível em: www.scielo.br/scielo.php?pid=S1519-69842008000500011&script=sci_arttext. Acesso em 30/03/2019.

SILVA, M. O.; CICILLINI, G. A. **O potencial das discussões polêmicas nas aulas de Biologia.** In: **UNIVERSIDADE, NECESSÁRIAS UTOPIAS E DISTOPIAS; SEMANA DO SERVIDOR, 4.; SEMANA ACADÊMICA, 5.,** 2008, Uberlândia. *Atas...* Uberlândia: Universidade Federal de Uberlândia, 2008. p. 1-7.

TIZIOTO, P. C.; ARAÚJO, E. S. N. N. **Biotecnologia e bioética nos livros didáticos.** In: **ENCONTRO NACIONAL DE PESQUISA EM EDUCAÇÃO (ABRAPEC), 6.,** 2007, Florianópolis: *anais*, ABRAPEC, 2007.

SITES

AZEREDO, A.M.L. **O Código de Barras da Vida baseado no DNA “Barcoding of Life”: Considerações e Perspectivas.** Disponível em: https://view.officeapps.live.com/op/view.aspx?src=http%3A%2F%2Fwww.cria.org.br%2Fcgce%2Fdocumentos%2FDNAbarcoding_2005.doc. Acesso em 05/03/2018

AZEVEDO, A.B.; PASSEGGI, M.C. **Narrativas das experiências docentes com tecnologias digitais.** Disponível em: <https://meocloud.pt/link/9113bebb-c160-45a4-84d7-0af3067b1ceb/narrativas.pdf/>. Acesso em: 15/04/2018.

BARCODE OF LIFE. Disponível em: <http://www.barcodeoflife.org/>. Acesso em 20/11/2017.

BARNI, G.S. **A importância e o sentido de estudar Genética para estudantes do terceiro ano do Ensino Médio em uma escola da Rede Estadual de Ensino em Gaspar (SC).** Disponível em: www.uniedu.sed.sc.gov.br/wp-content/uploads/2013/10/Graziela-dos-Santos-Barni.pdf. Acesso em 05/03/2018.

BORGES, K.C.A.S. **Identificação de madeiras nativas por DNA Barcode.** Disponível em: http://r1.ufrrj.br/wp/ppgcaf/wp-content/uploads/TESE%20KELLY%20CARLA%20ALMEIDA%20DE%20SOUZA%20BORGES%2013_07_2016.pdf. Acesso em 21/02/2018.

BURNATT, S.T.G. **Utilizando os jogos didáticos para o ensino de genética.** Disponível em: <https://acervodigital.ufpr.br/bitstream/handle/1884/46935/R%20-%20E%20-%20SOELI%20TERESINHA%20GREIN%20BURNATT.pdf?sequence=1>. Acesso em: 12/09/2018.

CAMPOS, L. M. L.; BORTOLOTO, T. M.; FELICIO, A. K. C. **A produção de jogos didáticos para o ensino de ciências e biologia: uma proposta para favorecer a**

aprendizagem. Disponível em: <http://www.unesp.br/prograd/PDFNE2002/aproducaodejogos.pdf>. Acesso em 03/05/ 2018.

CARBONARO, T.M. 2011. **Genética da Conservação.** Disponível em: <https://geneticavirtual.webnode.com.br/genetica-virtual-home/topicos-extras/genetica%20de%20conserva%c3%a7%c3%a3o/> acesso em 12 /03/ 2018.

CARDOSO, L.R.; OLIVEIRA, V.S. **O uso das tecnologias da comunicação digital: desafios no ensino de genética mendeliana no ensino médio.** Disponível em: <https://seer.ufrgs.br/InfEducTeoriaPratica/article/viewFile/8638/12015>. Acesso em 11/03/2018.

CARVALHO, N.R., CÂNDIDO, I.M., QUEIROZ, P. **Potenciais de uso forense do DNA mitocondrial.** Disponível em: <http://www.cppls.pucgoias.edu.br/8mostra/Artigos/SAUDE%20E%20BIOLOGICAS/Potenciais%20de%20uso%20forense%20do%20DNA%20mitocondrial.pdf> .Acesso em 29/05/2018.

Código de barras do DNA combate à biopirataria. Disponível em: <http://www.bv.fapesp.br/namidia/noticia/33990/codigo-barras-dna-combate-biopirataria/> . Acesso em 24/11/2017.

CSI e análises de DNA na prática. Disponível em: <http://www.labnetwork.com.br/noticias/instrumentacao-analitica/csi-e-analises-de-dna-na-pratica-05-do-seu-material-genetico-e-o-que-lhe-torna-unico/> . Acesso em 04/01/2018.

DIESEL, A., BALDEZ, A. L. S.; MARTINS, S. N. **Os princípios das metodologias ativas de ensino: uma abordagem teórica.** Disponível em: <https://pt.scribd.com/document/370720703/DIESEL-2017-Os-Principios-Das-Metodologias-Ativas-de-Ensino> .Acesso em: 12 /03/ 2018.

DNA vira ‘código de barras da vida’ em rede de pesquisa sobre espécies. Disponível em: <https://www5.usp.br/40054/rede-de-pesquisa-usa-dna-como-codigo-de-barras-para-identificar-especies/> . Acesso em 04 /02/2018.

FERREIRA, J.M. **Contribuição da genética de populações à investigação sobre o tráfico de fauna no Brasil: desenvolvimento de microssatélites e análise da estrutura genética em *Paroaria dominicana* e *Saltator similis* (Aves: Passeriformes: Thraupidae).** Disponível em: <http://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/41/41131/tde-17122012-200300/es.php> .Acesso em 15/04/2018.

FIALHO, N. N. **Os jogos pedagógicos como ferramentas de ensino.** Disponível em: <https://pt.scribd.com/document/93963818/JOGOS-NO-ENSINO-DE-QUIMICA-E-BIOLOGIA> . Acesso em 12 /03/ 2018.

Forensic DNA analysis for animal protection and biodiversity conservation. Disponível em: https://www.researchgate.net/profile/Marinus_Hoogmoed2/post/Can_someone_advise_me_on_looking_for_papers_identifying_the_point_of_origin_of_an_invasive_species_using_mtDNA_genetic_markers/attachment/59d64452c49f478072eac92a/AS:273682620977158@1442262429375/download/Iyengar+2014_Forensic+DNA+analysis+for+animal+protection+and+biodiversity+conservation--A+review.pdf . Acesso em 20 de novembro de 2017.

FRANKHAM, R.; BALLOU, J.D., BRISCOE, D.A, Ribeirão Preto, SP, Editora SBG, 290p. **GenBank**. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>. Acesso em 25/05/2018.

FRANKHAM, R.; BALLOU, J.D., BRISCOE, D.A **Introduction to conservation genetics**. Disponível em: <https://pdfs.semanticscholar.org/3437/ff6c98132aab4bc041f566fef443d19b9676.pdf>. Acesso em 21/04/2019.

GARRIDO, R.G., RODRIGUES, E.L. **Contribuições da Biologia Molecular para a proteção animal e a investigação dos crimes contra a fauna**. Disponível em: <http://apl.unisuam.edu.br/revistas/index.php/Semioses/article/viewFile/1981996X.2017v11n4p32/961>. Acesso em 29/05/2019.

GAROFALO, D. **Como as metodologias ativas favorecem o aprendizado**. Disponível em: <https://novaescola.org.br/conteudo/11897/como-as-metodologias-ativas-favorecem-o-aprendizado>. Acesso em 23 /07/ 2018.

GERASIMENKO, T. **Código de barras da vida acelera identificação das espécies**. Disponível em: <https://veja.abril.com.br/ciencia/codigo-de-barras-da-vida-acelera-identificacao-das-especies/>. Acesso em 18 /05/2018.

GIACÓIA, L. R. D. **Conhecimento básico de genética: concludentes do ensino médio e graduandos de Ciências Biológicas**. Disponível em: <http://livros01.livrosgratis.com.br/cp012255.pdf>. Acesso em: 06/02/2018.

GRENS, K. **The story of a group of high school students who, with the help of a Rockefeller University researcher, conducted and published studies on the biological provenance of sushi and teas from around New York City**. Disponível em <https://www.the-scientist.com/notebook/barcode-high-41651>. Acesso em 20/12/ 2017.

HERMANN, F.B. **Os jogos didáticos no Ensino de Genética como estratégias compartilhadas nos artigos da revista Genética na Escola**. Disponível em: http://santoangelo.uri.br/erebiosul2013/anais/wp-content/uploads/2013/07/poster/13461_290_Fabiana_Barrichello_Hermann.pdf. Acesso em 13/02/2018.

HOFFMANN, G. **O celular pode ser o melhor aliado do professor no aprendizado**. Disponível em: <https://desafiosdaeducacao.com.br/celular-pode-ser-melhor-aliado-professor-aprendizado/>. Acesso em 16 /03/2018

JANN, P. N. e LEITE, M. F. **Jogo do DNA: um instrumento pedagógico para o ensino de ciências e biologia**. Ciências & Cognição 2010; Vol. 15 (1): 282-293 Disponível em : <http://www.cienciasecognicao.org>. Acesso em 10 /03/2018.

JANUARIO, B.B. **Aplicação de códigos de barras de DNA (DNA BARCODING) na identificação das espécies de *Senna* Mill. (Fabaceae) e *Casearia* Jacq. (Salicaceae) para estudos de variabilidade genética**. Disponível em: <http://www2.fcfa.unesp.br/Home/Posgraduacao/BiocienciaeBiotecnologiasAplicadasaFarmacia/bianca-belon-januario.pdf>. Acesso em 20/11/2017.

Jogabilidade. Disponível em: <https://www.tudonalingua.com/news/a-jogabilidade/>. Acesso em 04/07/2018.

Jogabilidade. Disponível em: <https://nossalinguaportuguesa.com.br/dicionario/jogabilidade/>. Acesso em 04/07/2018

Jogabilidade. Disponível em: www.aulete.com.br/jogabilidade. Acesso em 04/07/2018.

KOSMANN, C. **Código de barras (DNA *BARCODE*) de dípteros de interesse forense.** Disponível em : https://www.researchgate.net/profile/Cecilia_Kosmann/publication/26980746_Codigo_de_barras_DNA_barcode_de_dipteros_de_interesse_forense/links/0c9605213846db0785000000/Codigo-de-barras-DNA-barcode-de-dipteros-de-interesse-forense.pdf. Acesso em 20/02/2018.

LIMA, D.B. **O ensino investigativo e suas contribuições para a aprendizagem de Genética no ensino médio.** Disponível em: <https://lume.ufrgs.br/handle/10183/72341>. Acesso em 14/02/2018.

MARTINS, I.P. **Problemas e perspectivas sobre a integração CTS no sistema educativo português.** Revista Eletrônica de Enseñanza de las Ciencias, Vol1, Nº 1, 28-39 (2002). <http://www.labnetwork.com.br/noticias/instrumentacao-analitica/csi-e-analises-de-dna-na-pratica-05-do-seu-material-genetico-e-o-que-lhe-torna-unico/>. Acesso em 04/02/2018.

MELO, J.R. e CARMO, E. M. **Investigações sobre o ensino de Genética e Biologia Molecular no Ensino Médio brasileiro: reflexões sobre as publicações científicas.** Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1516-73132009000300009. Acesso em 12 /03/ 2018.

MIYAKI, C.Y. **Identificação de espécies de aves da Mata Atlântica baseada na sequência de DNA do gene mitocondrial Citocromo oxidase I: avaliação do potencial de um sistema de identificação molecular de aves.** Disponível em: <https://bv.fapesp.br/pt/auxilios/29766/identificacao-de-especies-de-aves-da-mata-atlantica-baseada-na-sequencia-de-dna-do-gene-mitocondrial/>. Acesso em 15/04/2018.

MORAES, T. S. **Estratégias inovadoras no uso de recursos didáticos para o Ensino de Ciências e Biologia.** Disponível em: www.cdi.uneb.br/site/wp-content/uploads/2016/04/Dissertação-Tatyane-da-Silva-Moraes.pdf. Acesso em 03/12/2017.

MORAN, J. **Mudando a educação com metodologias ativas.** Disponível em: http://www2.eca.usp.br/moran/wp-content/uploads/2013/12/mudando_moran.pdf. Acesso em 14/03/2018.

MORAN, J. **Metodologias ativas: alguns questionamentos** .Disponível em: <http://www2.eca.usp.br/moran/>. Acesso em 14 /03/ 2018

MOURA, J.; DEUS, M.S.M.; GONÇALVES, N.M.N.; PERON, A.P. **O ensino de Biologia, com enfoque na Genética, das escolas públicas no Brasil – breve relato e reflexão.** Disponível em: <http://ojs.unirg.edu.br/index.php/1/article/download/2091/73>. Acesso em 23/10/2017.

National Center for Biotechnology Information. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>. Acesso em 21/02/2018.

OLIVEIRA, C.; MOURA, S.P.; SOUSA, E.R. **TIC'S na Educação: a utilização das tecnologias da informação e comunicação na aprendizagem do aluno** Disponível em : <http://periodicos.pucminas.br/index.php/pedagogiacao/article/viewFile/11019/886>. Acesso em 25/05/2018

PEDROSO, C. V. **Jogos didáticos no Ensino de Biologia: uma proposta metodológica baseada em módulo didático.** Disponível em: http://educere.bruc.com.br/arquivo/pdf2009/2944_1408.pdf. Acesso em 12/02/2018.

PEREIRA, F. S. F. **Uso de jogos educativos como aliados no processo de ensino aprendizagem de química.** Disponível em: <http://revistas.ufcg.edu.br/cfp/index.php/pesquisainterdisciplinar/article/view/114>. Acesso em: 27 junho 2018.

PINTO, L.B.; CAPUTO, I.G.C.; PEREIRA, M.M.I. **Importância do DNA em Investigações Forenses: Análise de DNA Mitocondrial.** Disponível em: <http://www.ipebj.com.br/forensicjournal/edicoes?volume=6&numero=1&artigo=237>. Acesso em: 10/01/2018.

ROCHA, M.L.R.; COSTA, F.J.; ANDRADE, M.S.A.; MARTINS, E.M. **Utilização de jogos no Ensino de Genética: uma forma de favorecer os processos de Ensino e Aprendizagem.** Disponível em: <http://DX.DOI.ORG/10.15601/1983-7631/RT.V9N17P106-116>. Acesso em 01/03/2018.

ROSA, C.A. **Estratégias Pedagógicas na Educação: trinta ideias para unir tecnologia e educação.** Disponível em: <https://salaaberta.com.br/e-books/estrategias-pedagogicas-volume-1/>. Acesso em 15/04/2018.

ROSA, R.T.N. **Do gene à proteína: explorando o GenBank com alunos do Ensino Médio.** Disponível em: <https://repositorio.ufsm.br/bitstream/handle/1/3521/ROSA%2c%20ROSANE%20TERESINHA%20NASCIMENTO%20DA.pdf?sequence=1&isAllowed=y>. Acesso em 22/02/2018.

ROSA, R.T.N. **Utilizando o GenBank como integrador de conceitos de Biologia Molecular.** Disponível em <https://pt.slideshare.net/rosanetrn/utilizando-o-gen-bank-como-integrador-de-conteito>. Acesso em 22/02/2018.

RICARDO, E. **Competências, Interdisciplinaridade e Contextualização: dos Parâmetros Curriculares Nacionais a uma compreensão para o ensino das ciências.** Disponível em: <https://repositorio.ufsc.br/handle/123456789/102668>. Acesso em 11/01/2018.

SANTOS, V.S. **Biologia Forense.** Disponível em : <https://brasilescola.uol.com.br/biologia/biologia-forense.htm>. Acesso em 17 de abril de 2018.

SANTOS, F.R.; LACERDA.D.. R; REDONDO, R.A.F. **Tecnologias Genômicas na Conservação da Biodiversidade.** Disponível em : <http://labs.icb.ufmg.br/lbem/pdf/santosetal2004bj.pdf>. Acesso: 26/05/2019.

SANTOS, R. **C.Aprendendo genética com uso de atividades lúdicas.** Disponível em: <http://hdl.handle.net/1884/42255>. Acesso em 08/03/2018.

SEBASTIANY, A.P.; PIZZATO, M.C.; SALGADO, T.D.M. Aprendendo a investigar através de uma atividade investigativa sobre Ciência Forense e Investigação Criminal. Disponível em : <https://www.lume.ufrgs.br/bitstream/handle/10183/132507/000982757.pdf?sequence=1>. Acesso em 03/03/2018.

Sequenciamento de DNA: Desvendando o código da vida .Disponível em: em <http://www.biometrix.com.br/sequenciamento-dna-desvendando-codigo-da-vida/>. Acesso em : 25/04/2019.

SILVA, F.S., SERAFIM, ML. Redes sociais no processo de ensino e aprendizagem: com a palavra o adolescente. Disponível em : <http://books.scielo.org/id/fp86k/pdf/sousa-9788578793265-04.pdf> . Acesso em 13/04/ 2019

SILVA, P.J., Jogos didáticos na construção do conhecimento em Genética. Disponível em : <https://acervodigital.ufpr.br/bitstream/handle/1884/42251/R%20-%20E%20-%20PATRICIA%20JUSTEN%20DA%20SILVA.pdf?sequence=1&isAllowed=y>. Acesso em 26/03/2019.

SILVEIRA, R. V. M.; AMABIS, J. M. ENCONTRO NACIONAL DE PESQUISA EM EDUCAÇÃO EM CIÊNCIAS, 4., 2003, Bauru. Como os estudantes do ensino médio relacionam os conceitos de localização e organização do material genético? Bauru: **anais**, ABRAPEC, 2003, 12 p. Disponível em: http://webcache.googleusercontent.com/search?q=cache:http://fep.if.usp.br/~profis/arquivos/ivenpec/Arquivos/Orais/ORAL052.pdf&gws_rd=cr&ei=BfEkV6DUHMWMwwTZ9ovAAQ. Acesso em: 04/02/2018.

SINZATO, M.G.F. Uso de Weblog no Ensino de Genética. Disponível em: <https://acervodigital.ufpr.br/bitstream/handle/1884/38883/R%20-%20E%20-%20MARILIA%20GABRIELA%20SINZATO.pdf;sequence=1>. Acesso em 09/02/2018.

SOSSELA, G.S.; CROCETTI, S. Jogos como facilitadores do ensino de Biologia. Disponível em: http://www.diaadiaeducacao.pr.gov.br/portals/cadernospde/pdebusca/producoes_pde/2013/2013_utfpr_bio_artigo_glauciane_da_silva_sossela.pdf. Acesso em 15/08/ 2018.

Tecnologias digitais na educação. Disponível em: <http://www.bibliotekevirtual.org/livros/registrados/pdfs/978-85-99968-49-9.pdf>. Acesso em 15/04/2018.

TEMP, D.S. Facilitando a aprendizagem de Genética: uso de modelo didático e análise dos recursos presentes nos livros de Biologia. Disponível em: <https://repositorio.ufsm.br/bitstream/handle/1/6656/TEMP%2C%20DAIANA%20SONEGO.pdf?sequence=1&isAllowed=y>. Acesso em 03/02/2108

TOLEZANO, G.C. Desvendando o DNA: uma sequência didática para o Ensino de Genética. Disponível em : https://www.mackenzie.br/fileadmin/OLD/47/Graduacao/CCBS/Cursos/Ciencias_Biologicas/TCC/Giovanna_C._Tolezano.pdf. Acesso em 22/03/2018.

VIEIRA, V. **Construindo saberes: aulas que associam conteúdos de genética à estratégias de ensino-aprendizagem**. Disponível em: <http://revistas.unifoa.edu.br/index.php/praxis/article/download/921/971>. Acesso em 23/04/2018.

APÊNDICES

APÊNDICE 1

Sequência didática

ATIVIDADE 1 – CONCEITOS BÁSICOS DE GENÉTICA

TEMA: CROMOSSOMOS

Número de aulas: 2

OBJETIVOS:

Geral:

Compreender os conceitos básicos de genética associando-os com a localização celular, funções e com os processos celulares envolvidos.

Específicos:

- Relembrar nucleotídeos e ácidos nucleicos que foram vistos no 1º ano e 3º anos do ensino médio, cujo conhecimento será necessário para aprendizagem dos novos conceitos para aprender genética.
- Montar um cariograma, a partir do recorte de cromossomos em papel.
- Esclarecer a composição dos cromossomos e explicar o conceito de cromossomos homólogos, genes, genes alelos e locus gênicos.
- Compreender a relação de dominância e recessividade, bem como os conceitos de heterozigose e homozigose, também necessários para aprender o conceito de genótipo e como o fenótipo pode ser expresso.

RECURSOS

Textos e modelo didático.

METODOLOGIA:

Anteriormente a aula, o professor pede para que os estudantes pesquisem e leiam um texto referente a cromossomos e procurem diferentes cariótipos humanos.

1ª aula: Durante a aula, os estudantes se reúnem em equipes e discutem, juntamente com o professor, sobre as suas pesquisas. Em seguida o professor pode propor uma atividade online de construção de cariograma humano, para o reconhecimento e diferenciação dos cromossomos.

2ª aula: professor e estudantes fazem a discussão da atividade e em seguida, o professor, apresenta os conceitos básicos de genética usando modelo didático de cromossomo humanos. Com o uso desse modelo, é possível explicar cromossomos, cromossomos homólogos, genes, genes alelos, locus gênico, homozigose, heterozigose, genótipo, fenótipo dominância e recessividade, além de alterações cromossômicas estruturais.

CONTEÚDOS DE ENSINO

- | | |
|---------------------------------------|------------------------------|
| - Nucleotídeos e ácidos nucleicos | - Dominância e Recessividade |
| - Genes e Genes alelos | - Fenótipo e Genótipo |
| - Cromossomos e Cromossomos homólogos | |
| - Locus Gênico | |
| - Homozigose e Heterozigose | |

ATIVIDADE

ATIVIDADE: ORGANIZANDO OS CROMOSSOMOS HUMANOS: IDIOGRAMA

Nome: _____ Série: _____

O objetivo desta atividade é a montagem de um idiograma humano normal. O trabalho será parecido ao de citogeneticistas, que montam idiogramas de pacientes para descobrir eventuais problemas em seus cromossomos. Em vez de usar fotos dos cromossomos, como fazem os citogeneticistas, usaremos desenhos, para simplificar o trabalho de identificação.

MATERIAL NECESSÁRIO

- 3 Tesoura
- 3 Régua milimetrada
- 3 Cola (de preferência em bastão)
- 3 Conjunto de cromossomos para recortar (xerox)
- 3 Gabarito para colar os cromossomos (xerox)

ORIENTAÇÕES GERAIS

Além desta folha de atividades, você recebeu duas outras folhas xerocopiadas: uma delas tem desenhos de cromossomos humanos para recortar, e a outra tem marcas de orientação para montar o idiograma (gabarito).

Siga as instruções de 1 a 11 para identificar os cromossomos. Em alguns casos você terá de medi-los com a régua, para auxiliar a identificação, pois os cromossomos devem ser dispostos por ordem decrescente de tamanho. Recorte os cromossomos com a tesoura e organize-os sobre o gabarito. É preferível colar os cromossomos apenas no final, para evitar enganos.

Ao recortar os cromossomos da folha de desenhos deixe uma pequena margem dos lados, como foi sugerido para o cromossomo 1.

Cole cada cromossomo recortado no local correspondente ao seu número, na folha de gabarito, fazendo o centrômero coincidir com a linha tracejada. A título de exemplo, um dos homólogos do par cromossômico 1 já foi aplicado no gabarito. Oriente cada cromossomo com o braço mais longo para baixo da linha tracejada.

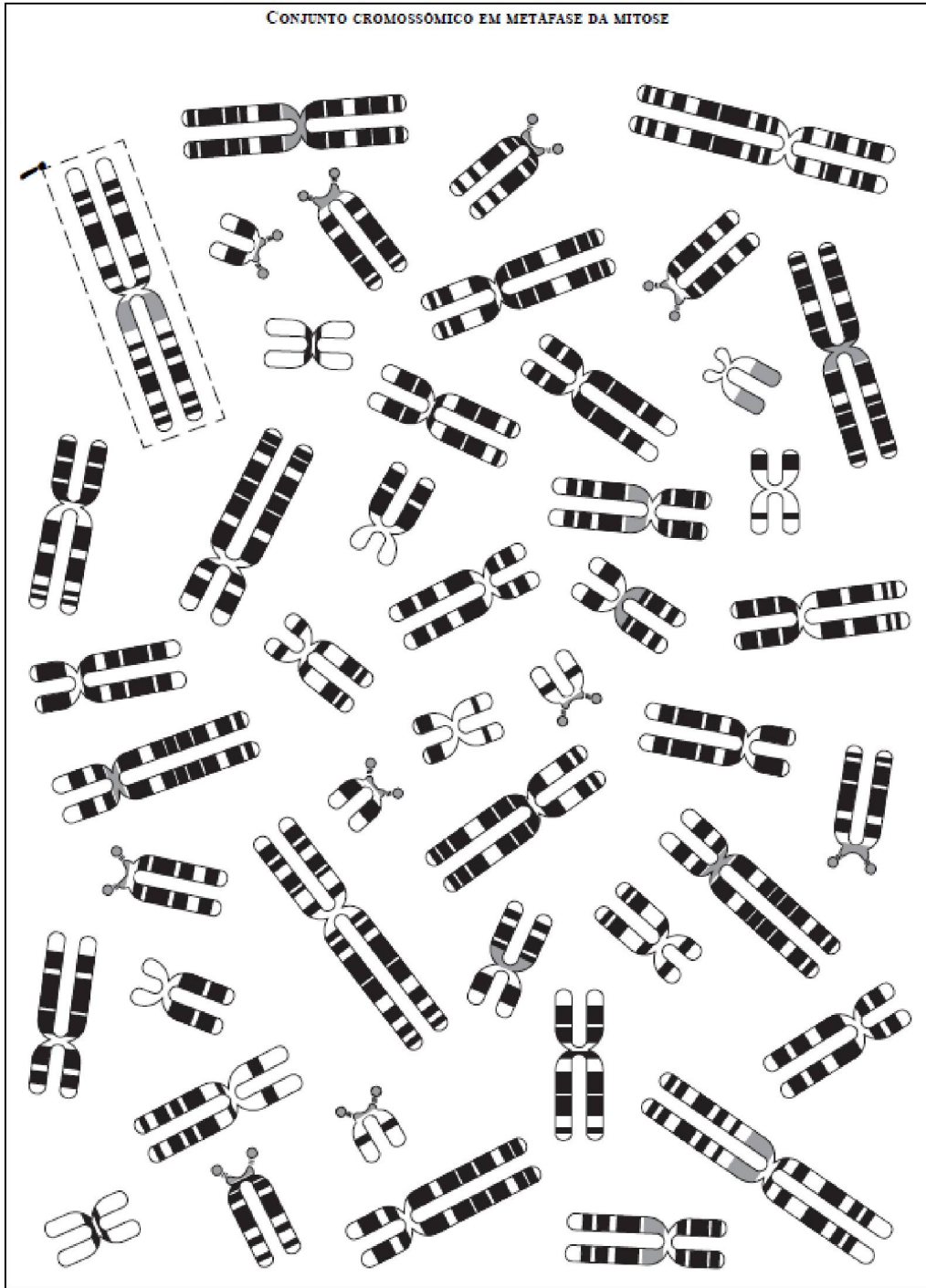
IDENTIFICANDO OS CROMOSSOMOS E MONTANDO O IDIOGRAMA

1. Localize os três pares cromossômicos de maior tamanho, que constituem o grupo A. Os cromossomos dos pares 1 e 3 são do tipo metacêntrico (centrômero em posição aproximadamente central), e os do par 2 são submetacêntricos (centrômero um pouco deslocado do centro). Oriente os cromossomos 1 e 3 com os braços que têm a faixa cinzenta para baixo da linha tracejada.
2. Dos cromossomos restantes, identifique os dois pares de maior tamanho, que constituem o grupo B. São grandes, pouco menores que o cromossomo 3, e submetacêntricos. O que tem uma faixa cinzenta na região do centrômero é o cromossomo 4.
3. Localize agora os pares de cromossomos 21 e 22, que constituem o grupo G. São os menores do conjunto e do tipo acrocêntrico (centrômero localizado perto da extremidade). O braço menor desses cromossomos possui uma pequena esfera terminal chamada satélite. O cromossomo que apresenta faixa negra mais larga é o 21.
4. Procure os pares de cromossomos 19 e 20, que constituem o grupo F. Eles são um pouco maiores que os do grupo G e quase metacêntricos. O cromossomo 19 apresenta uma faixa negra em torno do centrômero. O cromossomo 20 tem uma faixa negra larga no braço ligeiramente menor (superior), e outra mais estreita no braço ligeiramente maior.
5. Localize os pares cromossômicos 13, 14 e 15, que constituem o grupo D. Eles são do tipo acrocêntrico, com satélites no braço menor. O que apresenta faixas negras mais largas é o cromossomo 13; o que tem faixas um pouco mais estreitas é o 14, e o 15 apresenta faixas ainda mais estreitas.
6. Identifique os pares de cromossomos 6 e 7, os primeiros do grupo C. Eles são os maiores entre os cromossomos que restaram, e são do tipo submetacêntrico. O maior dos dois, com faixas negras mais estreitas no braço menor, é o cromossomo 6.
7. Dos cromossomos restantes, descubra agora os três pares de menor tamanho, de tipo submetacêntrico. São os cromossomos 16, 17 e 18, que constituem o grupo E. O cromossomo 18 é facilmente identificável por não apresentar nenhuma faixa escura no braço menor. O cromossomo 16 possui, no braço menor, uma faixa negra mais larga que a apresentada pelo 17.
8. Selecione o menor dos cromossomos restantes. Trata-se do cromossomo sexual Y. Além de não apresentar homólogo, ele é do tipo acrocêntrico (centrômero localizado próximo à extremidade), e tem uma faixa cinzenta larga no braço maior.
9. Dos onze cromossomos restantes, identifique o cromossomo sexual X. Ele apresenta uma faixa negra estreita no braço menor, e é o único que não apresenta homólogo, pois trata-se de um cariótipo masculino.
10. Selecione, dos cromossomos restantes, o par que possui três faixas negras largas no braço curto: é o cromossomo 9. Procure agora o par que apresenta apenas uma faixa negra larga no braço menor: trata-se do cromossomo 12.
11. Faltam apenas três pares de cromossomos para identificar. O que apresenta faixas negras mais largas no braço maior é o cromossomo 8. Dos dois pares restantes, o que tem o centrômero mais deslocado para a extremidade é o cromossomo 10.

CÉLULA DIPLÓIDE HUMANA MASCULINA

CONJUNTO CROMOSSÓMICO EM METAFASE DA MITOSE

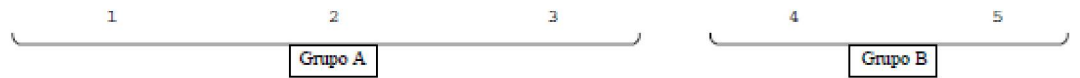
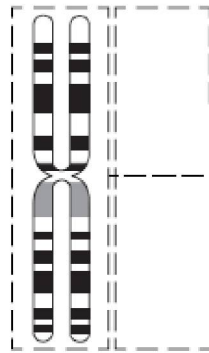
©Amabis e Martin / Editora Moderna - Reprodução autorizada



IDIograma HUMANO NORMAL (SEXO MASCULINO)

© Análise e Mente / Editora Moderna
Reprodução autorizada

Montado por: _____ Série: _____



* _____



* _____



* _____



ATIVIDADE 2 – ÁCIDOS NUCLEICOS E SÍNTESE PROTEICA

TEMA: Extração de DNA, replicação, transcrição e tradução

Número de aulas: 5 aulas

OBJETIVOS

Geral:

Revisar a composição, estrutura e funções dos ácidos nucleicos e sua importância para a síntese proteica.

Específicos:

- Reconhecer a estrutura, composição e funções das moléculas de DNA e RNAs.
- Entender como acontece o processo de síntese proteica, a partir do DNA.
- Realizar atividades práticas de extração de DNA.
- Simular o processo de síntese proteica, como modelos de papel e contas coloridas.

RECURSOS

Pesquisa de textos, modelo didático de dobradura de DNA, práticas de extração de DNA

CONTEÚDOS DE ENSINO: DNA, RNA e síntese proteica.

METODOLOGIA:

1ª aula: Pesquisa em equipe de textos relacionados a estrutura, composição e funções das molécula de DNA e RNA. Em seguida, a equipe faz a montagem da molécula de DNA, usando a dobradura sugerida abaixo. O professor pode fazer a impressão colorida ou em preto e branco. Caso opte pela impressão sem cor, então os estudantes devem fazer a pintura atentando-se as ligações das bases correspondentes: A-T, C-G

O professor poderá optar pela montagem do DNA, com materiais reutilizáveis (sucata).

2ª aula: Realização de atividade prática em equipe: extração da molécula DNA. Podem ser realizadas com 3 tipos de materiais: banana, morango ou de células da mucosa bucal. Cada equipe escolhe um tipo, para poderem fazer comparação no final da prática. Todos devem responder aos questionamentos finais, para a discussão.



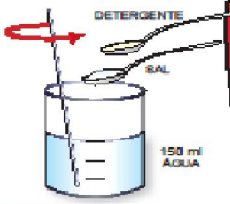




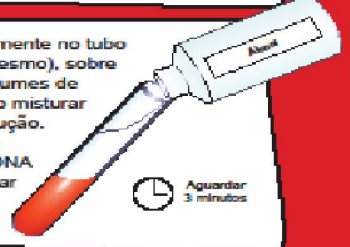

3ª aula: Revisão explicativa sobre as moléculas de DNA, RNA, replicação, transcrição e tradução gênica (síntese proteica).

4ª aula: Realização de atividades de simulação de síntese proteica e comparação de aminoácidos de diferentes seres vivos.

ATIVIDADES PRÁTICAS:

Projeto Genoma Humano
 Organização: Eliana Maria Beluzzo Decem e Jorge Oyakawa
 Diagramação: Regina de Siqueira Bueno

EXTRAÇÃO CASEIRA DE DNA MORANGO

- 1** Selecionar 3 morangos e tirar os seus cabinhos verdes. 
- 2** Colocar os morangos dentro de um saco plástico e macerá-los pressionando os morangos com os dedos até obter uma pasta quase homogênea. Transferir a pasta de morango para um copo. 
- 3** Em outro copo misturar 150 ml de água, uma colher (sopa) de detergente e uma colher (chá) de sal de cozinha. Mexer bem com o bastão de vidro, porém devagar para não fazer espuma. 
- 4** Colocar cerca de 1/3 da mistura de água, sal e detergente sobre o macerado de morango. Misturar levemente com o bastão de vidro. 
- 5** Incubar em temperatura ambiente por 30 minutos. Mexer de vez em quando com o mesmo bastão. 
- 6** Colocar uma peneira sobre um copo limpo e passar a mistura pela peneira para retirar os pedaços de morango que restaram. 
- 7** Colocar metade do líquido peneirado em um tubo de ensaio. Colocar apenas cerca de 3 dedos no fundo do tubo. 
- 8** Despejar delicadamente no tubo (pela parede do mesmo), sobre a solução, dois volumes de álcool comum. Não misturar o álcool com a solução. Aguardar cerca de 3 minutos para o DNA começar a precipitar na interface. 
- 9** Passo opcional. Usar um palito de vidro, plástico ou madeira para enrolar as moléculas de DNA. Gire o palito na interface entre a solução e o álcool. 

Fonte: anandachagas.blogspot.com/2012/03/funcao-de-cada-material-utilizado_03.html

Após a realização da atividade prática, os estudantes devem responder e discutir as questões:

- O que foi observado?
- Onde se localiza a molécula de DNA?
- Qual a função da molécula de DNA?
- Por que foi utilizado detergente?

Extração de DNA de banana

Materiais:

- Meia banana madura picada
- 1 saco plástico transparente (de preferência aquele que tem um fecho)
- 1 colher (de sopa) bem cheia de detergente de lavar louça
- 1 colher (de chá) de sal de cozinha 150 ml de água
- 1 copo de vidro transparente
- 1 gaze de curativo
- 1 elástico (borrachinha de dinheiro amarela)
- Álcool comercial com concentração maior do que 96% (é importante que seja)
- 1 palito de picolé

Acompanhe nas fotos o passo a passo:



Fonte: atardinhajornal.blogspot.com/2011/12/receita-de-dna-de-banana.html

Após a realização da atividade prática, os estudantes devem responder e discutir as questões:

- **O que foi observado?**
- **Onde se localiza a molécula de DNA?**
- **Qual a função da molécula de DNA?**
- **Por que foi utilizado detergente?**

Extração de DNA de mucosa bucal (adaptado)

Materiais:

- 2 copos americanos de água;
 - 1 litro álcool (96°);
 - 1 detergente líquido incolor;
 - 50 gramas de cozinha;
 - corante de cozinha;
 - 2 copos americanos;
 - 2 colheres de sopa;
 - 1 recipiente transparente de 300 ml.
- Sugere-se que a atividade seja realizada em grupos. Cada grupo deverá ter um kit.
- A atividade poderá ser realizada no Laboratório de Ciências/Biologia ou na sala de aula.

Proponha que os alunos se organizem em grupos de até 4 pessoas.

Cada integrante do grupo receberá uma cópia com as instruções para a realização da atividade.

Sugestão de roteiro investigativo:

Extraindo o DNA:

1. Pegue dois copos de água e coloque em um recipiente.
2. Em seguida acrescente uma colher de sal e misture bem.
3. Separe três colheres da mistura feita acima e faça um bochecho por mais ou menos um minuto.
4. Durante o bochecho, separe mais ou menos meio copo de álcool e coloque duas gotas de corante.
5. Após bochechar, cuspa o líquido em um copo e acrescente uma gota de detergente. Misture devagar para não formar bolhas.
6. Por fim, misture o álcool com o líquido bochechado e espere mais ou menos dois minutos. O DNA começará a aparecer.

Fonte: portaldoprofessor.mec.gov.br/fichaTecnicaAula.html?aula=58264

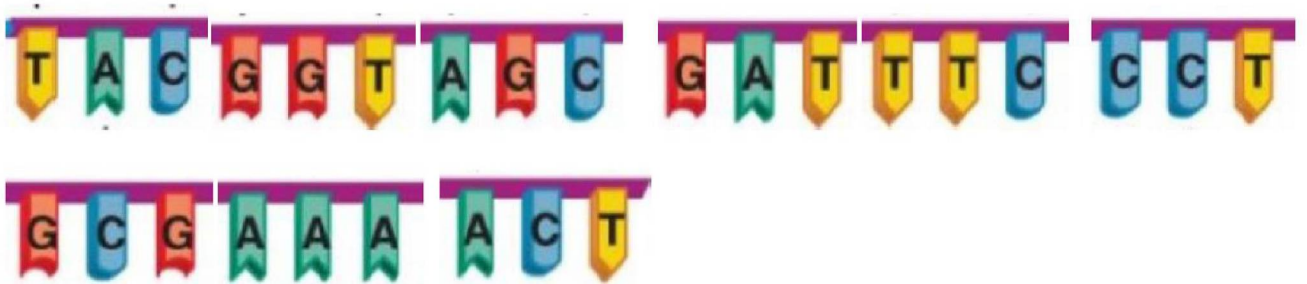
Após a realização das atividade prática, os estudantes devem responder e discutir as questões:

- **O que foi observado?**
- **Onde se localiza a molécula de DNA?**
- **Qual a função da molécula de DNA?**
- **Por que foi utilizado detergente?**

Simulação de síntese proteica (adaptado)

Imprimir, recortar e utilizar a sequência de bases de DNA, RNAm e RNAt, para representar a transcrição e tradução gênicas.

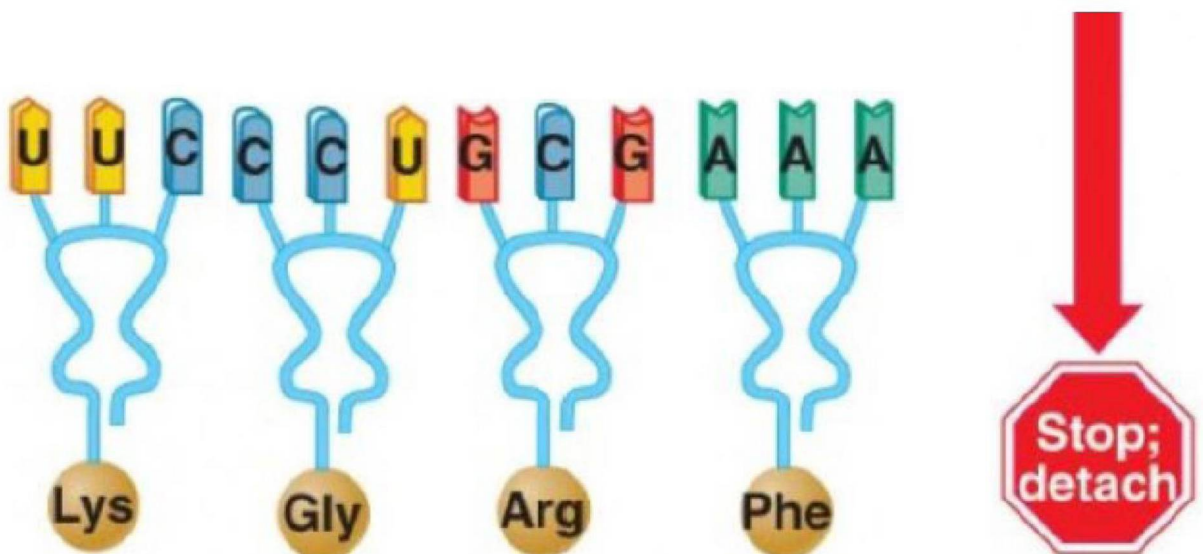
DNA: sequência de bases (gene fictício)

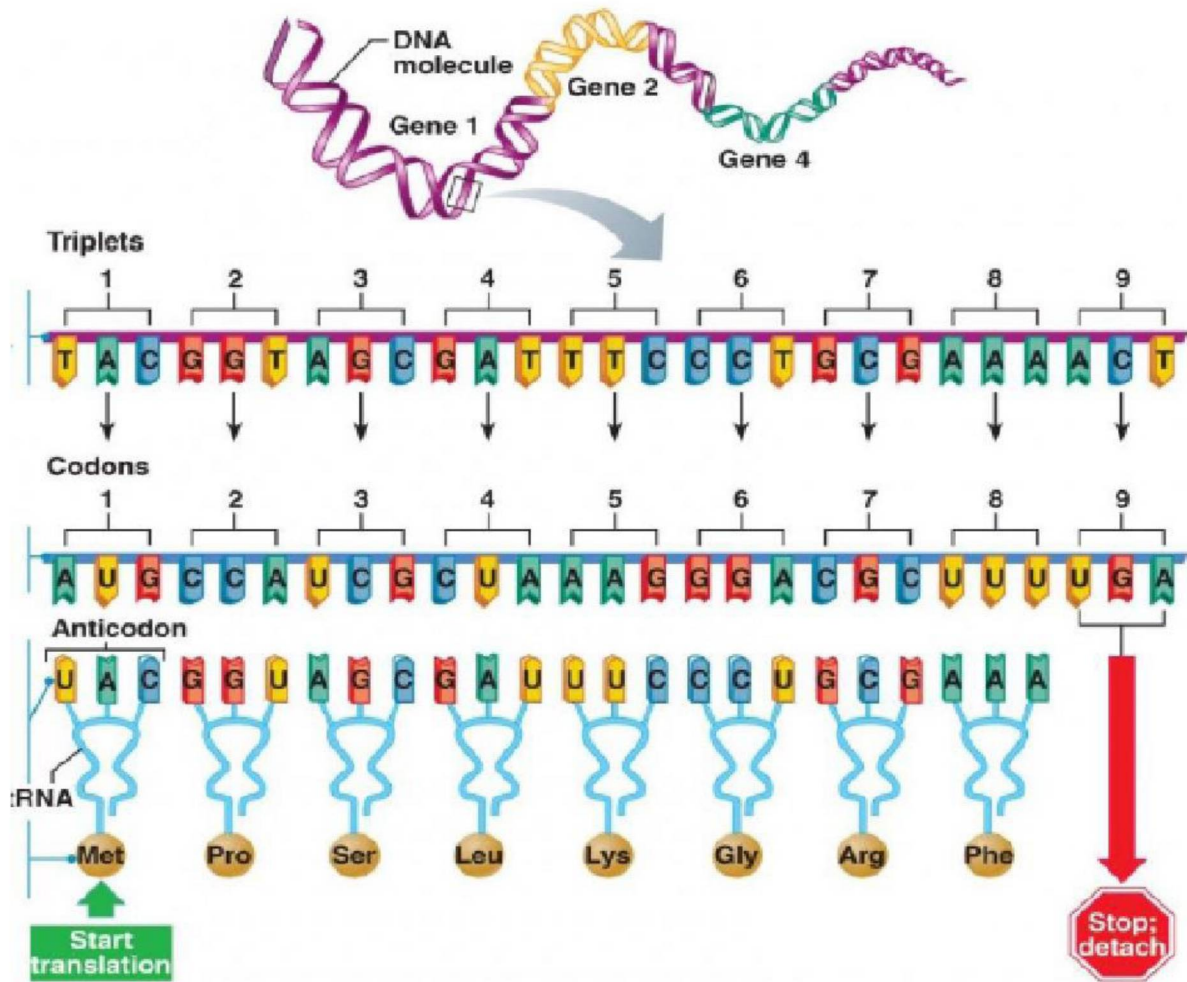


RNAm: sequência de códons, para transcrição do DNA



RNAt: anticódons associados a aminoácidos correspondentes





Fonte: <https://kaiserscience.files.wordpress.com/2017/11/dna-to-mrna-to-ribosome-to-trna.pdf>

Comparando sequências de aminoácidos e DNA



Uma revisão rápida...

- O DNA fornece instruções para a montagem de aminoácidos em proteínas.

Assim sendo...

- Proteínas semelhantes têm uma sequência de aminoácidos semelhante. E se a sequência de aminoácidos é semelhante, o DNA é semelhante.
- Os cientistas acreditam que sequências semelhantes de DNA indicam uma origem comum.
- A hemoglobina (uma proteína nos glóbulos vermelhos) é uma proteína que foi estudada em humanos, gorilas e cavalos.

Procedimento:

- Cada grupo receberá 10 cores diferentes de contas (cada uma representando um aminoácido diferente).



- Os alunos usam as contas para criar a sequência parcial de aminoácidos para hemoglobina humana, gorila e cavalo.

- Em equipe, pegam um cartão de com três fios conectados (isso torna mais fácil para os alunos compararem as sequências no final).



Depois que os alunos completarem as sequências de aminoácidos, eles então contam e registram as diferenças na sequência de aminoácidos.



Discussão...

- O que determina a ordem dos aminoácidos?
- De onde tiramos nosso DNA?
- Onde nossos pais tiraram o DNA deles?
- Casos aleatórios no DNA ocorrem com o tempo, o tempo passa, mais mudanças haverá.

As sequências de aminoácidos:

Humano: gly lys val asp val asp glu val gly glu lys leu his val asp pro glu asp phe arg leu

Gorila: gly lys val asp val asp glu val gly glu lys leu his val asp pro glu asp phe leu leu

Cavalo: asp asp asp glu glu glu val gli glu lys leu his val asp pro glu asp phe arg leu

Atividade 3 – DNA nuclear e DNA mitocondrial

TEMA: DNA nuclear e DNA mitocondrial

Número de aulas: 3

OBJETIVOS:

Geral: Diferenciar o DNA nuclear, do DNA mitocondrial.

Específicos:

- Comparar DNA nuclear e DNA mitocondrial, em relação a estrutura, localização e funções.
- Diferenciar DNA nuclear, de DNA mitocondrial e a importância e utilização dos mesmos em processos biotecnológicos.
- Realizar atividades de simulação de teste de DNA.

CONTEÚDOS DE ENSINO: DNA nuclear e DNA mitocondrial, bandas de DNA.

RECURSOS: texto DNA MITOCONDRIAL, textos de pesquisas, práticas de simulação de teste de DNA (DNA fingerprinting).

METODOLOGIA:

1ª aula: Sugere-se que o professor revise com os estudantes, DNA nuclear e DNA mitocondrial. Em seguida os estudantes fazem a leitura do texto DNA MITOCONDRIAL (abaixo), e vão montando um glossário, à medida que forem demonstrando dúvidas na leitura.

Em seguida, peça aos estudantes pesquisarem em equipe, sobre a importância e utilização da molécula de DNA (nuclear e mitocondrial), em situações relacionados ao dia a dia e em pesquisas ligadas a biotecnologia. Como sugestão, os estudantes poderão apresentar a pesquisa, em forma de infográfico, painel, seminário ou dramatizando como jornal televisivo.

2ª aula: apresentação e discussão das pesquisas.

3ª aula: Fazer atividades de simulação de teste de DNA.

ATIVIDADES:**Texto: DNA MITOCONDRIAL**

A **mitocôndria** é uma organela presente no citoplasma das células eucarióticas, responsável pela **produção de energia**. A produção de energia ocorre na forma de ATP por meio de um processo chamado de fosforilação oxidativa. As mitocôndrias **apresentam DNA próprio**, sendo caracterizado por apresentar pequena dimensão e ser uma molécula circular de fita dupla.

O **genoma mitocondrial é um genoma haploide**, devido ao fato de ter sido provado cientificamente que o seu DNA apresenta herança exclusivamente materna. Isso ocorre devido a um mecanismo durante a fecundação de seletividade de mitocôndrias. Dessa forma, **a mãe transmite para o filho o seu genoma mitocondrial**, o que faz com que a descendência da linha materna tenha sempre o mesmo genoma.

Diante dessa característica de **hereditariedade uni parental** é possível a realização de reconstruções de linhas evolutivas por meio do tempo, sem que haja interferência dos efeitos da hereditariedade bi parental e da inerente recombinação existente no DNA nuclear.

Outra característica específica do mtDNA é a ausência de recombinação. Não há evidências da contribuição paterna para o genoma mitocondrial. Diante disso, o mtDNA é essencialmente constituído por cópias clonais do genoma mitocondrial materno, comportando-se como um único locus.

O mtDNA está presente nas células em um **elevado número de cópias**, podendo variar de acordo com o tipo de célula e tecido.

De acordo com relatos na literatura, o mtDNA **apresenta taxa de mutação muito maior quando comparada à taxa do DNA nuclear**. Esse fato é devido à ausência de proteínas protetoras, como por exemplo, as histonas presentes no DNA nuclear; à baixa atividade de reparação da mtDNA polimerase e à grande exposição do mtDNA aos radicais livres gerados na fosforilação oxidativa.

Diante dessas características peculiares, o mtDNA tem sido **amplamente utilizado nas investigações forenses** quando a quantidade de DNA nuclear é muito ínfima, em casos em que ele esteja muito degradado ou em situações forenses nas quais existem apenas amostras de parentes da linhagem materna para comparação. Portanto, o DNA nuclear é sempre preferível nas análises investigativas.

As técnicas de análise de mtDNA baseia-se nos polimorfismos encontrados nas sequências hipervariáveis da região controle. Atualmente tem sido realizada a análise de todo genoma mitocondrial por meio da utilização de marcadores SNPs, o que tem aumentado o poder da determinação de perfis de mtDNAs.

Fonte:

Texto

(adaptado):

<https://www.portaleducacao.com.br/conteudo/artigos/farmacia/quimica-forense-e-o-dna-mitocondrial/38178>

Glossário: (liste termos encontrados no texto, que você desconhece e faça uma busca de seus significados):

Simulação 1 de teste de DNA (adaptado)

Materiais necessários:

- Cinco metros de qualquer fio maleável e colorido, sendo um metro de cada cor (nós usamos fios de varal, mas poderia ser lã, fita ou barbante colorido);
- Fita crepe.

Preparação

Pegar um dos metros de fio e cortar em pedaços de 5, 15, 25 e 35 cm, que representarão o DNA da mãe; em seguida, fixá-los uns aos outros lateralmente com fita crepe. Fazer o mesmo com outra cor, para representar o DNA do suposto pai, só que com pedaços de 10, 20, 30 e 40 cm, e com outra cor para o filho, com pedaços de 5, 10, 20 e 35 cm. Prender os três conjuntos de fios (mãe, filho e suposto pai) próximos à base da lousa, de modo que, se esticado perpendicularmente, cada fio permaneça dentro dos limites de altura e largura da lousa (Figura 1). Os fios da última cor, que não serão cortados, servirão apenas para representar o aspecto do DNA antes do teste: um emaranhado bem longo. Esse fio será mostrado aos estudantes, mas não precisa ser preso na lousa, como os outros.

Nesta atividade, o **DNA é comparado a um fio**. Um fio que em geral está enrolado, às vezes muito enrolado, às vezes com alguns trechos esticados; para isso, podem ser utilizados os fios que não foram cortados, enfatizando que um deles pertence ao pai e o outro, à mãe. É importante mencionar que esse fio está dentro de todas as células do corpo, e não apenas nas do sangue ou do esperma, como acreditam muitos estudantes. Dependendo do grau de profundidade a que se pretenda levar a atividade, pode-se ressaltar que esse fio, quando visto de perto, é composto de quatro unidades diferentes, os nucleotídeos.

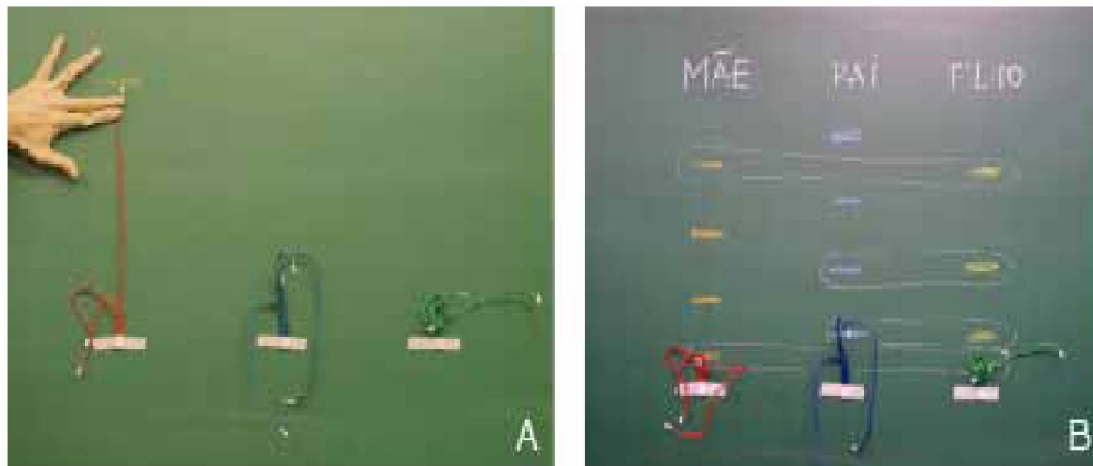








Figura 1. Instruções para preparação da atividade. *A* – Prenda os três conjuntos de fios que representam o DNA na lousa, tendo o cuidado de que as bases estejam alinhadas; no exemplo, os fios vermelhos correspondem à mãe, os azuis, ao suposto pai e os verdes, ao filho. Estique um dos fios e faça um risco horizontal marcando a altura atingida pela extremidade que está solta. Repita o procedimento para todos os fios. *B* – Depois de todas as marcas terem sido feitas, a análise pode ser conduzida ressaltando quais dos trechos do DNA do filho correspondem a quais trechos nos pais. Caso haja correspondência entre metade dos trechos do filho com os do suposto pai, evidencia-se a paternidade; caso não haja, os trechos não-correspondentes devem ter vindo de outra pessoa, descartando a paternidade desse suposto pai. No exemplo, a paternidade foi comprovada.

Fonte: Revista Genética na Escola 05.01, 01-04 (2010)

Simulação 2 de teste de DNA

Descubra quem é o pai do **Castilho!**

Utilizando as enzimas adequadas, quebramos o DNA do **Castilho**, de sua mãe e de **quatro suspeitos** de serem seu pai. Abaixo estão representados os padrões de “pedaços” de DNA que foram obtidos. Será que você é capaz de descobrir quem é o pai do **Castilho**?

					
Castilho	Mãe	Freitas	Bulhões	Soares	Moraes

Faça um “X” em quem você acha que é o pai do **Castilho**:

Que porcentagem do seu material hereditário (DNA) veio de sua mãe?

100% 75% 50% 25% 0%

Uma mulher tem uma doença causada por uma mutação no cromossomo do par 5. Qual a chance de que uma criança, filha dessa mulher, herde essa mutação?

100% 75% 50% 25% 0%

O que você achou dessa atividade?

ótima boa razoável ruim

Você acha que aprendeu como funciona o teste de DNA?

sim não

Se tiver algum comentário, escreva-o abaixo.

Figura 2. Sugestão de avaliação da atividade proposta neste artigo. Fazendo analogia com um programa de TV muito popular, este problema propõe aos alunos uma situação semelhante à apresentada pela atividade. As questões subsequentes, discutidas em detalhe no texto, visam avaliar outros aspectos do aprendizado e abrir espaço para críticas dos estudantes. Esta imagem não pode ser reproduzida para fins comerciais.

SIMULAÇÃO 3 DE TESTE DE DNA

Quem é o pai? Quem é o criminoso?

Objetivos: • compreender a importância prática da Engenharia Genética na identificação das pessoas.

- conhecer os princípios básicos da manipulação genética e algumas de suas principais aplicações, como identificação de pessoas através do DNA.

Metodologia: Para a realização desta atividade é necessário que o aluno tenha noções de genética (DNA, gene, cromossomos homólogos) e de algumas técnicas de engenharia genética (enzimas de restrição, gel de eletroforese).

Nesta atividade você aplicará os princípios da identificação de pessoas pelo DNA na solução de duas questões judiciais. Em uma delas identificará um criminoso entre três suspeitos, e em outra descobrirá quem é o pai de uma criança. Na figura 1 estão representados segmentos de DNA de cinco pessoas (**P-1 a P-5**). Cada uma tem dois segmentos, correspondentes a um par de cromossomos homólogos (Ca e Cb). As sequências de bases dos homólogos podem ser ligeiramente desiguais em função da diferença entre os genes alelos.

O primeiro passo para a análise do DNA é cortá-lo com uma enzima de restrição hipotética que, neste exemplo, reconhece a sequência de dois pares de bases **C-G adjacente** (dois C em uma cadeia e dois G na outra). Para facilitar, essas “sequências de corte” estão destacadas no DNA. Localize, nos dois segmentos de DNA de cada pessoa, todas as sequências de corte. Marque-as a lápis com um traço horizontal, de modo a separar um **par C-G do par C-G** adjacente. O passo seguinte é organizar os fragmentos obtidos por ordem de tamanho. Para isso, conte o número de pares de bases de cada fragmento e complete o preenchimento do gráfico da figura 2. Cada coluna do gráfico simula o padrão eletroforético de uma pessoa, onde os fragmentos de DNA se distribuem em faixas por ordem de tamanho. A título de exemplo, a coluna correspondente ao padrão da pessoa P-5 já está preenchida.

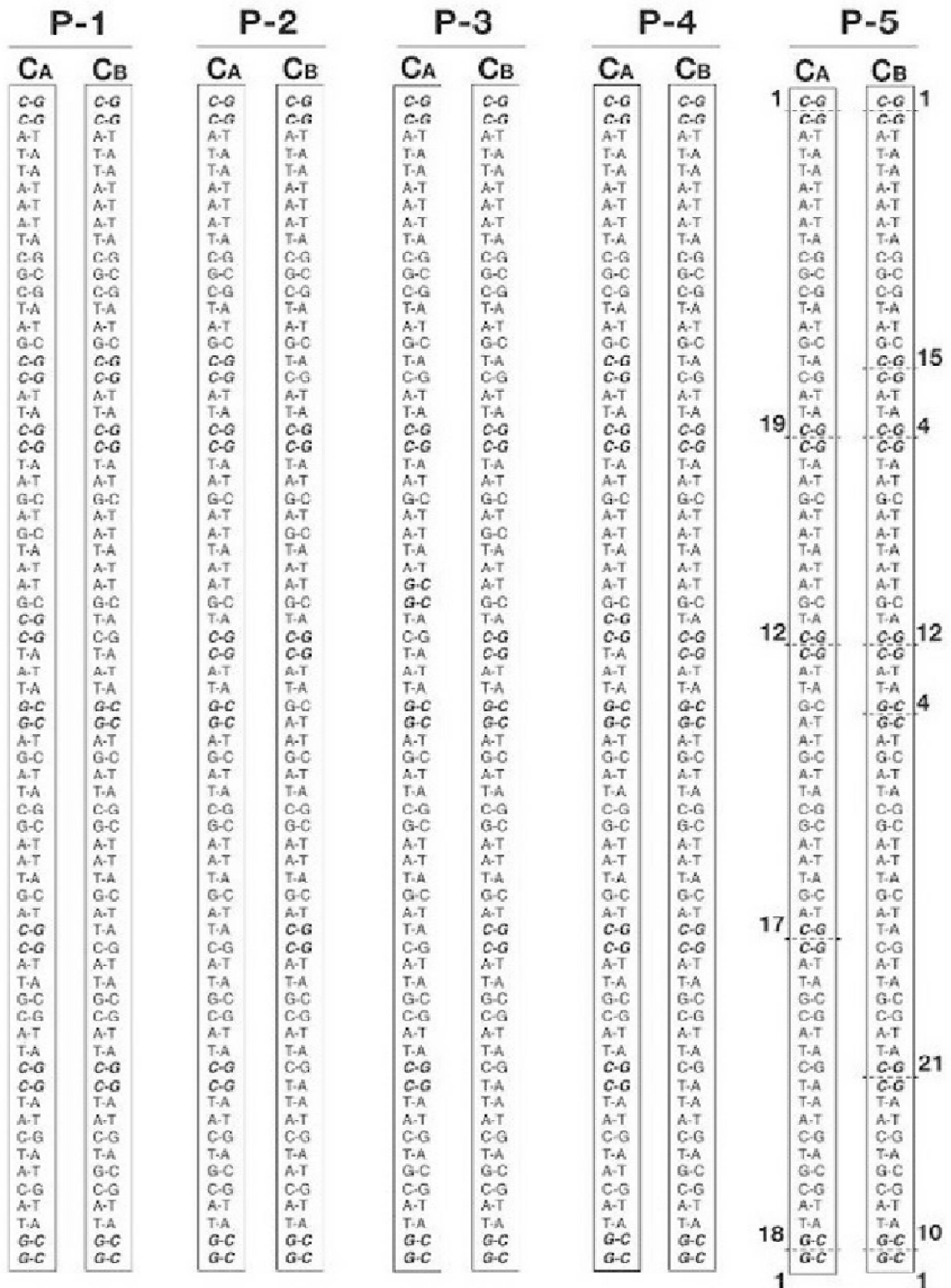


Figura 1: segmentos de DNA

	P1	P2	P3	P4	P5
22					
21					
20					
19					
18					
17					
16					
15					
14					
13					
12					
11					
10					
9					
8					
7					
6					
5					
4					
3					
2					
1					

Figura 2: gráfico que simula o padrão eletroforético das pessoas

Resolução de problemas.

Quem é o criminoso? Restos de pele encontrados sob as unhas de uma pessoa assassinada foram submetidos ao teste de DNA, revelando o padrão eletroforético P-5.

Três pessoas, P-1, P-2 e P-3, suspeitas do crime, também foram submetidas ao teste de DNA. Qual delas é a provável culpada? P-2. O padrão eletroforético do DNA deste suspeito é idêntico ao da amostra de pele encontrada sob as unhas da Vítima P-5.

Quem é o pai da criança? Dois homens, P-1 e P-2, disputam a paternidade de uma criança, P-4, filha da mulher P-3. Com base no teste de DNA dos quatro implicados, quem é o provável pai da criança? P-1. A criança P-4, pode ter recebido da mãe (P-3) DNA relativo as faixas de números 1, 4, 10, 12, 13, 18 e 19. As faixas 5, 8, 11 e 15 de P-4 provêm necessariamente do pai P-2 o outro postulante, não apresenta as faixas 5, 8 e 1

.Fonte: <https://docplayer.com.br/10578938-Atividade-pratica-quem-e-o-pai-quem-e-o-criminoso.html>

Atividade sobre DNA mitocondrial (adaptada)

1. Ler a história

“Um arqueólogo encontrou em uma de suas expedições pelos Andes, restos mortais de indivíduos que possivelmente pertenceram ao Império Inca. Os pesquisadores desconfiam que os esqueletos são de indivíduos da mesma família. Ajude-os a descobrir se isso é verdade.”

2. Formar equipes de 4 pessoas.
3. Desvendar as relações de parentesco dos indivíduos a partir da comparação das bandas de mtDNA (em anexo)
4. Responder às questões do roteiro

ATIVIDADES PROPOSTAS

1. Com base na relação de bandas que você recebeu responda:

a) Quantas famílias você encontrou?

b) Existem indivíduos que você não conseguiu encaixar em nenhuma família?

Justifique a sua resposta.

c) Você consegue identificar a posição de cada indivíduo dentro da família (quem é o pai, a mãe, etc.)? Justifique sua resposta.

d) Por que os pesquisadores utilizaram o mtDNA ao invés de usar o DNA nuclear para descobrir as relações de parentesco?

2. Porque o DNA mitocondrial é apenas de origem materna?

3. Em um teste de paternidade, poderia ser utilizado apenas o DNA mitocondrial? Por quê?

4. Sobre o exame de paternidade através da comparação de DNA do NÚCLEO é possível determinar o pai de um recém-nascido quando a dúvida sobre a paternidade desse recém-nascido está entre gêmeos univitelinos? Justifique sua resposta.

Anteriormente à prática, o professor deverá fazer cópias das bandas de DNA mitocondrial (abaixo), recortar, misturar e distribuir aleatoriamente, de 12 a 15 bandas por equipe.

Os estudantes deverão analisar as semelhantes entre as bandas recebidas, para encontrar indivíduos pertencentes as mesmas famílias.

Em seguida, devem responder as atividades propostas.

Banda	Indivíduo	Banda	Indivíduo	Banda	Indivíduo	Banda	Indivíduo
1		1		1		1	
2		2		2		2	
3		3		3		3	
4		4		4		4	
5		5		5		5	
6		6		6		6	
7		7		7		7	
8		8		8		8	
9		9		9		9	
10		10		10		10	

Banda	Indivíduo	Banda	Indivíduo	Banda	Indivíduo	Banda	Indivíduo
1		1		1		1	
2		2		2		2	
3		3		3		3	
4		4		4		4	
5		5		5		5	
6		6		6		6	
7		7		7		7	
8		8		8		8	
9		9		9		9	
10		10		10		10	

Banda	Indivíduo	Banda	Indivíduo	Banda	Indivíduo	Banda	Indivíduo
1		1		1		1	
2		2		2		2	
3		3		3		3	
4		4		4		4	
5		5		5		5	
6		6		6		6	
7		7		7		7	
8		8		8		8	
9		9		9		9	
10		10		10		10	

Banda	Individuo	Banda	Individuo	Banda	Individuo	Banda	Individuo
1		1		1		1	
2		2		2		2	
3		3		3		3	
4		4		4		4	
5		5		5		5	
6		6		6		6	
7		7		7		7	
8		8		8		8	
9		9		9		9	
10		10		10		10	

Banda	Individuo	Banda	Individuo	Banda	Individuo	Banda	Individuo
1		1		1		1	
2		2		2		2	
3		3		3		3	
4		4		4		4	
5		5		5		5	
6		6		6		6	
7		7		7		7	
8		8		8		8	
9		9		9		9	
10		10		10		10	

Banda	Individuo	Banda	Individuo	Banda	Individuo	Banda	Individuo
1		1		1		1	
2		2		2		2	
3		3		3		3	
4		4		4		4	
5		5		5		5	
6		6		6		6	
7		7		7		7	
8		8		8		8	
9		9		9		9	
10		10		10		10	

Banda	Individuo	Banda	Individuo	Banda	Individuo	Banda	Individuo
1		1		1		1	
2		2		2		2	
3		3		3		3	
4		4		4		4	
5		5		5		5	
6		6		6		6	
7		7		7		7	
8		8		8		8	
9		9		9		9	
10		10		10		10	

Banda	Individuo	Banda	Individuo	Banda	Individuo	Banda	Individuo
1		1		1		1	
2		2		2		2	
3		3		3		3	
4		4		4		4	
5		5		5		5	
6		6		6		6	
7		7		7		7	
8		8		8		8	
9		9		9		9	
10		10		10		10	

Banda	Individuo	Banda	Individuo	Banda	Individuo	Banda	Individuo
1		1		1		1	
2		2		2		2	
3		3		3		3	
4		4		4		4	
5		5		5		5	
6		6		6		6	
7		7		7		7	
8		8		8		8	
9		9		9		9	
10		10		10		10	

Banda	Individuo	Banda	Individuo	Banda	Individuo	Banda	Individuo
1		1		1		1	
2		2		2		2	
3		3		3		3	
4		4		4		4	
5		5		5		5	
6		6		6		6	
7		7		7		7	
8		8		8		8	
9		9		9		9	
10		10		10		10	

Banda	Individuo	Banda	Individuo	Banda	Individuo	Banda	Individuo
1		1		1		1	
2		2		2		2	
3		3		3		3	
4		4		4		4	
5		5		5		5	
6		6		6		6	
7		7		7		7	
8		8		8		8	
9		9		9		9	
10		10		10		10	

Banda	Individuo	Banda	Individuo	Banda	Individuo	Banda	Individuo
1		1		1		1	
2		2		2		2	
3		3		3		3	
4		4		4		4	
5		5		5		5	
6		6		6		6	
7		7		7		7	
8		8		8		8	
9		9		9		9	
10		10		10		10	

Banda	Individuo	Banda	Individuo	Banda	Individuo	Banda	Individuo
1		1		1		1	
2		2		2		2	
3		3		3		3	
4		4		4		4	
5		5		5		5	
6		6		6		6	
7		7		7		7	
8		8		8		8	
9		9		9		9	
10		10		10		10	

Banda	Individuo	Banda	Individuo	Banda	Individuo	Banda	Individuo
1		1		1		1	
2		2		2		2	
3		3		3		3	
4		4		4		4	
5		5		5		5	
6		6		6		6	
7		7		7		7	
8		8		8		8	
9		9		9		9	
10		10		10		10	

Banda	Individuo	Banda	Individuo	Banda	Individuo	Banda	Individuo
1		1		1		1	
2		2		2		2	
3		3		3		3	
4		4		4		4	
5		5		5		5	
6		6		6		6	
7		7		7		7	
8		8		8		8	
9		9		9		9	
10		10		10		10	

Banda	Individuo	Banda	Individuo	Banda	Individuo	Banda	Individuo
1		1		1		1	
2		2		2		2	
3		3		3		3	
4		4		4		4	
5		5		5		5	
6		6		6		6	
7		7		7		7	
8		8		8		8	
9		9		9		9	
10		10		10		10	

Banda	Individuo	Banda	Individuo	Banda	Individuo	Banda	Individuo
1		1		1		1	
2		2		2		2	
3		3		3		3	
4		4		4		4	
5		5		5		5	
6		6		6		6	
7		7		7		7	
8		8		8		8	
9		9		9		9	
10		10		10		10	

Banda	Individuo	Banda	Individuo	Banda	Individuo	Banda	Individuo
1		1		1		1	
2		2		2		2	
3		3		3		3	
4		4		4		4	
5		5		5		5	
6		6		6		6	
7		7		7		7	
8		8		8		8	
9		9		9		9	
10		10		10		10	

Banda	Individuo	Banda	Individuo	Banda	Individuo	Banda	Individuo
1		1		1		1	
2		2		2		2	
3		3		3		3	
4		4		4		4	
5		5		5		5	
6		6		6		6	
7		7		7		7	
8		8		8		8	
9		9		9		9	
10		10		10		10	

Atividade 4 – Mutações genéticas

TEMA: Mutações genéticas

Número de aulas: 1

OBJETIVOS:

Geral:

Analisar como acontecem as mutações genéticas, nos seres vivos.

Específicos:

- Comparar sequências de aminoácidos, entre espécies diferentes.
- Realizar atividades de construção de sequências de aminoácidos, utilizando contas coloridas.

CONTEÚDOS DE ENSINO: síntese proteica, mutações genéticas

RECURSOS: texto com atividades

METODOLOGIA:

1ª aula: Investigação: DNA, Proteínas e Mutações

Abaixo estão duas sequências parciais de bases de DNA (mostradas apenas para uma cadeia de DNA). A sequência 1 é de um humano e a sequência 2 é de uma vaca. Tanto em humanos quanto em vacas, essa sequência faz parte de um conjunto de instruções para controlar uma função corporal. Neste caso, a sequência contém o gene para fazer a proteína insulina. A insulina é necessária para a absorção de açúcar do sangue. Sem insulina, uma pessoa não pode usar açúcares de digestão da mesma forma que os outros, e eles têm uma doença chamada diabetes.

Instruções:

1. Usando a sequência de DNA, faça a fita de RNA complementar tanto do humano quanto da vaca. Escreva o RNA diretamente abaixo do filamento de DNA (lembre-se de substituir U por T, em RNA)
2. Use a tabela de códons (no final da atividade), para determinar quais aminoácidos são reunidos para formar a proteína de insulina tanto na vaca quanto na humana.

DNA HUMANO									
DNA	CCA	TAG	CAC	GTT	ACA	ACG	TGA	AGG	AAA
RNA									
Aminoácido									

DNA VACA									
	CCA	TAG	CAT	GTT	ACA	ACG	CGA	AGG	GAC
RNA									
Aminoácido									

* Nota: Esta não é a sequência real da insulina, que na verdade contém 51 aminoácidos.

Análise

1. Compare a sequência de DNA e circule qualquer base que seja diferente nas sequências de vaca e humana. Quantas bases são diferentes?

2. Examine os aminoácidos produzidos. Destacar em amarelo quaisquer aminoácidos que sejam diferentes nas duas sequências. Quantos são diferentes?

3. Dois humanos (ou duas vacas) poderiam ter algumas diferenças em suas sequências de DNA para a insulina, mas ainda assim produziram exatamente as mesmas proteínas de insulina? Explicar.

4. Examine o quadro de códons e liste todos os códons que codificam o aminoácido leucina. Listá-los:

MUTAÇÕES: Alterações no DNA

Diabetes é uma doença caracterizada pela incapacidade de decompor os açúcares. Muitas vezes, uma pessoa com diabetes tem uma sequência de DNA defeituosa que codifica a produção da proteína de insulina.

MUTAÇÃO DE PONTO: Quando o aminoácido em uma sequência foi alterado, a forma da proteína muda e pode se tornar menos funcional (ou não funcionar de todo).

- Suponha que uma pessoa tenha uma mutação em seu DNA, e o primeiro tripleto para o gene que codifica a insulina é T A T (ao invés de C C A). Determine qual aminoácido o novo trio de DNA codifica. Essa pessoa será diabética? Explicar:

Uma **MUTAÇÃO SILENCIOSA** ocorre quando o nucleotídeo muda, mas o aminoácido resultante é o mesmo. A proteína que é feita a partir desse novo DNA não terá diferença funcional em relação ao original.

E se uma mutação ocorresse no gene da insulina humana e o primeiro tripleto fosse alterado para C C G? Isso é uma mutação silenciosa? Explique como você sabe.

Uma **MUTAÇÃO DE FRAMESHIFT** ocorre quando uma base é adicionada (ou removida) de uma sequência de DNA / RNA.

Determine a cadeia de aminoácidos codificada pela seguinte sequência. Suponha que uma mutação ocorra onde outro A é adicionado após o primeiro códon. Qual seria a nova sequência de aminoácidos?

DNA normal: **T G G A G T C G A G G T**

RNA normal: _____

Aminoácidos: _____

DNA mutante: **T G G A A G T C G A G G T**

RNA mutante: _____

Aminoácidos: _____

Por que as mutações de frameshift podem causar mais problemas do que uma mutação de ponto

Sequências gênicas entre espécies

Sequências de DNA são frequentemente usadas para determinar relações entre organismos. Sequências de DNA que codificam para um gene particular podem variar amplamente. Organismos intimamente relacionados terão sequências semelhantes.

Abaixo está uma lista de sequências para alguns organismos:

Humano: **CCA TAG CAC CTA**

Chimpanzé: **CCA TAA CAC CTA**

Porco: **CCU TGT AAA CGA**

Grilo: **CCT AAA GGG ACG**

Com base nessas sequências, quais organismos estão mais intimamente relacionados?

Suponha que um organismo desconhecido é encontrado na floresta e o gene é sequenciado da seguinte forma:

Desconhecido: **CCATGGAAACGA...**

Que tipo de animal você acha que pode ser, comparando com as sequências acima?

Tabela do código genético

		2.ª BASE				
		U	C	A	G	
1.ª BASE	U	UUU } Fenilalanina (Fen) UUC } UUA } Leucina (Leu) UUG }	UCU } Serina (Ser) UCC } UCA } UCG }	UAU } Tirosina (Tir) UAC } UAA } Codão de finalização UAG } Codão de finalização	UGU } Cisteína (Cis) UGC } UGA } Codão de finalização UGG } Triptofano (Trp)	3.ª BASE U C A G
	C	CUU } Leucina (Leu) CUC } CUA } CUG }	CCU } Prolina (Pro) CCC } CCA } CCG }	CAU } Histidina (His) CAC } CAA } Glutamina (Glu) CAG }	CGU } Arginina (Arg) CGC } CGA } CGG }	
	A	AUU } Isoleucina (Ile) AUC } AUA } AUG } Metionina (Met) codão de iniciação	ACU } Treonina (Tre) ACC } ACA } ACG }	AAU } Asparagina (Asn) AAC } AAA } Lisina (Lis) AAG }	AGU } Serina (Ser) AGC } AGA } Arginina (Arg) AGG }	
	G	GUU } Valina (Val) GUC } GUA } GUG }	GCU } Alanina (Ala) GCC } GCA } GCG }	GAU } Ácido aspártico (Asp) GAC } GAA } Ácido glutâmico (Glu) GAG }	GGU } Glicina (Gli) GGC } GGA } GGG }	

Fonte: <https://essaseoutras.com.br/tabela-do-codigo-genetico-universal-com-codons-de-rnam-aminoacidos>

Atividade 5 - Aplicações do DNA

TEMA: **Genética Forense**

Número de aulas: 1

OBJETIVOS:

Geral:

Aplicar os conhecimentos sobre teste de DNA , bem como fazer leituras de bandas fictícias, **para solucionar um crime fictício.**

Específicos:

Observar e analisar os vestígios da cena do crime .

Comparar o DNA das provas, com o DNA dos suspeitos e da vítima.

Comparar o DNA dos suspeitos, no banco de dados de DNA .

Solucionar o crime, através da análise das provas e depoimentos dos suspeitos.

CONTEÚDOS DE ENSINO: DNA fingerprint

RECURSO:jogo de simulação de crime

METODOLOGIA:

1ª aula: Simulação de crime (adaptado)

(É necessário ter conhecimento básico, sobre DNA fingerprinting .)

Pode-se fazer uma única simulação por turma, ou dividir em algumas equipes, dependendo da quantidade de estudantes.

Caso:

Pedro foi encontrado morto no seu quarto de hotel. Quem o poderia ter matado? Que provas de DNA você pode encontrar no local do crime e como pode analisá-las? Consegue descobrir o assassino?

Materiais:

- Um conjunto de cartões com provas de DNA para serem dispostos pelo local do crime.
- Um conjunto de cartões depoimentos dos suspeitos (verde) e o relatório do patologista (roxo);



Imagem Gene Jury

- Fichas de trabalho (uma por aluno ou grupo de alunos)
- Alguns conjuntos (um por grupo) de cartões com perfis de DNA de suspeitos (azul) e da vítima (roxo);

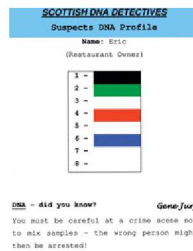


Imagem Gene Jury

- Conjuntos (um por grupo) de cartões mostrando os perfis de DNA encontrados em torno da cena do crime e das pessoas no banco de dados de DNA.

Simulação de crime

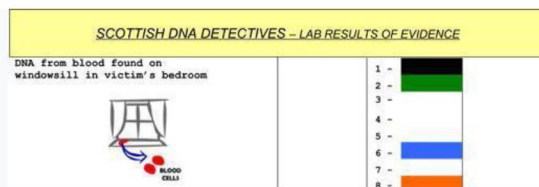


Imagem Gene Jury

Procedimento:

Seis alunos desempenham o papel de **suspeitos: Alex, Eric, Lisa, Olivia, Melinda e Dave**. Entregue a cada aluno o **cartão com o depoimento e o cartão com o perfil de DNA da personagem correspondente**

Um dos alunos é o **patologista da polícia**. Entregue-lhe o **cartão com o relatório do patologista e o cartão com o perfil de DNA da vítima**.

Opcionalmente, **um aluno representa a vítima**: deitando-se no chão com uma faca (ou um substituto) na sua proximidade. Mesmo que decida imaginar a vítima e a arma, coloque os cinco cartões com provas de DNA (a lâmina da faca, o cabo da faca, as unhas da vítima, o casaco da vítima, e o sangue na janela) no ‘local do crime’.

Os restantes alunos são os **investigadores**, trabalhando em grupos de aproximadamente quatro elementos. Entregue a estes alunos as **fichas de trabalho**.

O **professor desempenha o papel de inspetor-chefe e de laboratório forense**. Precisa das fichas com os perfis de DNA das provas e da base de dados de DNA.

Jogando o jogo

1. **Inspetor-chefe**(professor): leia em voz alta as instruções à turma.

Ontem à noite no hotel local, foi descoberto um crime terrível. Pedro, um conhecido empresário, foi encontrado morto no seu quarto de hotel por dois hóspedes, Alex e Olivia, às 23:00. Eles telefonaram imediatamente para a polícia, que chegou ao local pouco tempo depois. O patologista examinou o corpo, e estimou a hora da morte como sendo às 21:00, pouco tempo depois de Peter ter acabado de jantar.

Pedro tinha estado nessa noite num jantar com uns amigos para comemorar ter terminado de escrever, à mão, um livro sobre a sua vida. A festa decorreu na sala de jantar do hotel com os seus cinco amigos, os quais passaram essa noite no hotel. Após a chegada da polícia, os cinco hóspedes e a empregada do hotel foram acordados e chamados para ser serem interrogados.

Simulação de crime

1. **Investigadores:** analisem o local do crime e utilizem a Tabela 1 para registrar quaisquer provas (os cartões com as provas de DNA; foi introduzido um exemplo na tabela abaixo).

Tipo de amostra (ex. sangue ou pele)	Onde foi encontrada?
Pele	No casaco da vítima

Tabela 1: Recolhendo as provas no local do crime

1. **Investigadores:** entreguem as provas no laboratório forense (professor) para análise.

1. **Patologista da polícia:** lê em voz alta o relatório da análise do corpo da vítima.

Investigadores: anotar o relatório do patologista.

1. **Suspeitos:** leiam os vossos depoimentos sobre quem são e aquilo que sabem acerca do local do crime.

Investigadores: usando a Tabela 2, em baixo, anotar os depoimentos dos suspeitos. Quem acham que poderá ser o assassino? Todos deram autorização para recolher o seu DNA, mas o inspetor chefe da polícia apenas permitiu que recolhessem amostras de três suspeitos. Decidam quais são os três que vão amostrar.

- 2.

Nome	Notas do depoimento dos suspeitos	Supeitas dele / dela?	Pedir amostra (Selecciona apenas três)
Alex			
Eric			
Lisa			
Olivia			
Melinda			
Dave			

Tabela 2: Provas dos suspeitos

Simulação de crime

1. **Investigadores:** recolham uma amostra de cada um dos três suspeitos que selecionaram (as amostras já foram analisadas pelo laboratório, para facilitar o vosso trabalho).

Suspeitos: entreguem o seu cartão com o perfil de DNA (ao investigador que o pedir)

1. **Laboratório forense:** entregue aos investigadores os resultados da análise de DNA do local do crime (o perfil de DNA da vítima), e os perfis de DNA encontrados nas provas .

Investigadores: o perfil de DNA de algum dos vossos três suspeitos corresponde aos perfis de DNA em quaisquer das provas encontradas no local do crime?

1. **Investigadores:** usando a Tabela 3, em baixo, o que podem concluir? Sabem quem é o assassino? Lembrem-se daquilo que os suspeitos declararam nos seus depoimentos, e não se esqueçam que nem todo o DNA encontrado no local do crime está necessariamente relacionado com o homicídio.

Amostra do local do crime	Este perfil corresponde ao de algum dos suspeitos? Se sim, qual?	Pensas que esta amostra é do assassino?
Sangue no parapeito da janela		
Sangue na lâmina da faca		
Células epiteliais no cabo da faca		
Células epiteliais sob as unhas da vítima		
Células epiteliais no casaco da vítima		

Tabela 3: conclusões dos investigadores

1. **Inspetor-chefe:** algum dos grupos identificou o assassino? Se não, informe que os investigadores podem comparar as amostras recolhidas do local do crime com as incluídas numa base de dados nacional de DNA. Pode decidir deixar os investigadores compararem as suas amostras com as da base de dados, mesmo que tenham identificado um suspeito.

Investigadores: conseguem encontrar uma correspondência entre as provas recolhidas no local do crime e os perfis de DNA da base de dados? Quem pensam que é o assassino?

1. **Inspetor-chefe:** quando todos os grupos tiverem decidido quem pensam ser o assassino, revele a sua identidade como sendo o Eric e leia em voz alta a sua confissão.

Solução do caso:

Após a sua detenção, Eric decidiu confessor à polícia o que aconteceu naquela noite.

Na sua “vida anterior”, Eric tinha sido detido várias vezes por posse e consumo de drogas. Tinha decidido esquecer a sua vida antiga, e atualmente tinha o seu próprio restaurante. Apenas algumas pessoas conheciam o seu passado, incluindo Pedro. Ele também tinha um passado sombrio, e conhecia Eric muito bem. Ele tinha decidido escrever sobre Eric e incluir pormenores acerca das suas atividades criminais no livro da história da sua vida.

Na noite do seu homicídio, Pedro estava a comemorar ter terminado o seu livro, jantando no hotel com alguns amigos, incluindo Eric. Durante a conversa ao jantar, Eric apercebeu-se de que Pedro tinha escrito sobre ele no seu livro, e de como isso poderia prejudicar a sua reputação.

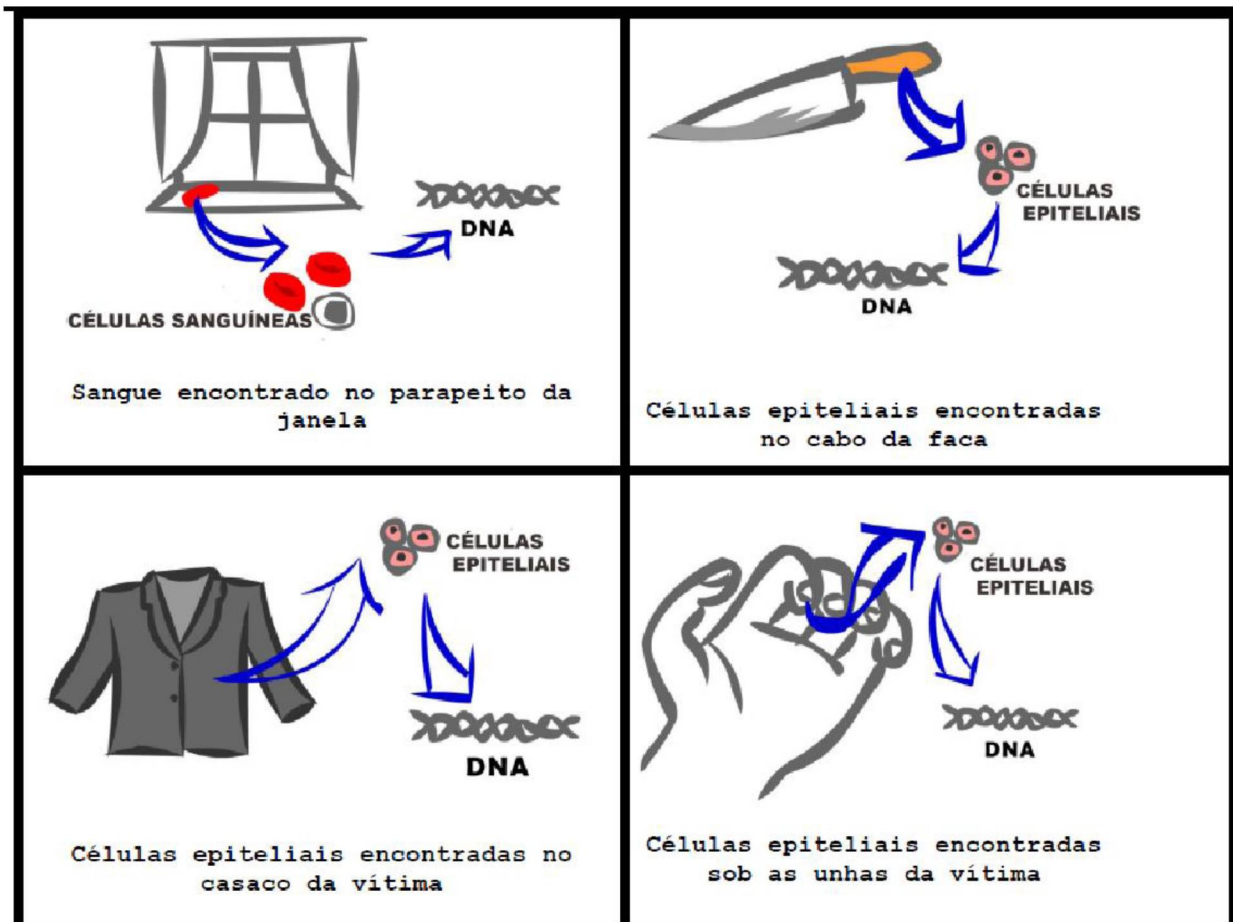
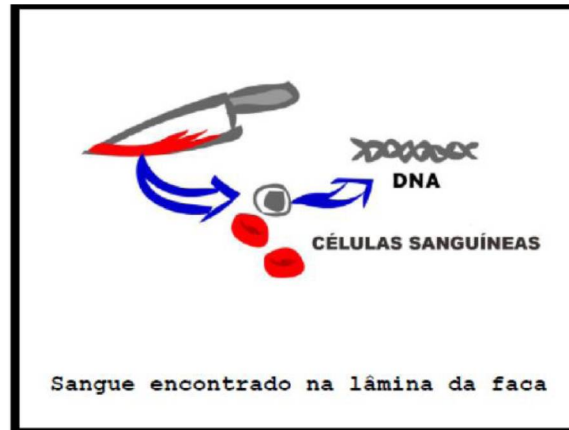
Depois de jantar, todos os convidados ficaram a tomar café no restaurante. Eric terminou e foi dar um passeio pelos jardins para planear uma forma de calar Pedro e roubar o seu livro. Esgueirou-se até à cozinha e roubou uma faca, escondendo-a no bolso das calças. Eric orquestrou um plano para se encontrar com Pedro no seu quarto de hotel para uma conversa, e – quando Peter menos esperasse – matá-lo usando a faca.

Tudo correu conforme o plano, mas enquanto Pedro estava a morrer no chão coberto de sangue, Eric ouviu passos junto ao quarto, e ao pegar no livro, assustou-se, deixando cair a faca acidentalmente.

Após ter voltado rapidamente para o seu quarto, escondeu o livro na sua mala para o destruir mais tarde. Planejou usar a desculpa de que tinha uma reunião de negócios para sair o mais cedo possível na manhã seguinte.


Cartões para a impressão:


Cartões com provas de DNA:





Cartões depoimentos dos suspeitos (verde) e o relatório do patologista (roxo):


Cartões com depoimentos dos suspeito


DETETIVE FORENSE	
Informação do suspeito & Depoimento	
	Foto
<p>Nome: Lisa Idade: 26 Ocupação: Empregada do Hotel</p>	
<p>Depoimento</p> <p>"Na noite passada fui ao cinema com amigos - podem perguntar a quem quiserem. Lembro-me de ter limpo o quarto do Pedro ontem por volta das 2 horas porque cortei a mão na janela."</p>	


DETETIVE FORENSE	
Informação do suspeito & Depoimento	
	Foto
<p>Nome: Melinda Idade: 38 Ocupação: Mulher da Vítima</p>	
<p>Depoimento</p> <p>"Estou tão perturbada por saber que o meu marido Pedro foi morto (seca os olhos com um lenço). Depois de jantar, Pedro voltou sozinho para o quarto, porque queria ler o seu livro. Fui a uma festa com alguns amigos, e quando regresssei encontrei a policia no hotel. Descubri que o livro do Pedro desapareceu!"</p>	

DETETIVE FORENSE	
Informação do suspeito & Depoimento	
	Foto
<p>Nome: Eric Idade: 52 Ocupação: Proprietário de Restaurante</p>	
<p>Depoimento</p> <p>"O Pedro foi meu colega de trabalho há muito tempo. Ele organizou este jantar para comemorar o seu novo livro. Ontem à noite, depois de jantar fui passear nos jardins do hotel, e depois fui conversar com o Pedro. Ele parecia normal quando entrei. Depois fui para a cama porque eu teria uma reunião esta manhã."</p>	

DETETIVE FORENSE	
Informação do suspeito & Depoimento	
	Foto
<p>Nome: Alex Idade: 40 Ocupação: Advogado</p>	
<p>Depoimento</p> <p>"Fui ao teatro com a Olivia depois de jantar. Voltamos por volta das 23h, e vimos uma luz por baixo da porta do Pedro. Achamos estranho e batemos na porta e como não houve resposta, nós entramos no quarto dele. Encontramos o Pedro no chão - a Olivia verificou se ele estava bem, mas ele não respondeu. Saímos os dois do quarto e chamamos a policia. Eu não toquei em nada."</p>	

DETETIVE FORENSE	
Informação do suspeito & Depoimento	
	Foto
Nome: Olivia	
Idade: 37	
Ocupação: Professora	
<u>Depoimento</u>	
<p>"Eu e o Alex saímos depois do jantar - eu gosto de teatro, e havia um espetáculo que eu queria mesmo ver. Chegamos bem tarde, e o Alex viu que havia luz por baixo da porta de Pedro. Ele abriu a porta, e o vimos no chão. Eu corri para ver o que tinha acontecido. Então o virei, puxando pelo seu casaco. Havia sangue por todo o lado - fomos os dois chamar a polícia."</p>	

DETECTIVE FORENSE	
Informação do suspeito & Depoimento	
	Foto
Nome: Dave	
Idade: 32	
Ocupação: Explorador	
<u>Depoimento</u>	
<p>"Fui convidado para este jantar pela Olivia. Não conheço o Pedro até hoje - ele parecia simpático, mas sei que tinha um passado obscuro. Ele parecia muito preocupado em relação ao seu livro. Depois do jantar fiquei com uma dor de cabeça por causa da conversa, por isso fui para a cama ler um livro. Fui acordado pelo polícia que batia à minha porta."</p>	

DETETIVE FORENSE	
Relatório do patologista acerca da vítima	
	Foto
Nome da Vítima:	
Peter	
Idade: 52	
Ocupação: Empresário	
<u>Relatório do patologista</u>	
<p>Pela minha análise do corpo de Pedro, ele foi esfaqueado. Isto poderia ter sido feito com a faca de cozinha que foi encontrada no local do crime.</p> <p>Acredito que tenha havido uma luta, uma vez que encontrei células epiteliais de outra pessoa sob as unhas de Pedro.</p>	

Cartões com o perfil de DNA dos suspeitos:

DETETIVE FORENSE
Perfil de DNA do suspeito

Nome: Eric
 (Proprietário de Restaurante)

1 -	
2 -	
3 -	
4 -	
5 -	
6 -	
7 -	
8 -	

DNA - Você sabia?
 Deve-se ter cuidado para não misturar amostras num local de crime - ou a pessoa errada pode ser presa!

DETETIVE FORENSE
Perfil de DNA do suspeito

Nome: Alex
 (Advogado)

1 -	
2 -	
3 -	
4 -	
5 -	
6 -	
7 -	
8 -	

DNA - Você sabia?
 As amostras de DNA de gêmeos idênticos são iguais.

DETETIVE FORENSE
Perfil de DNA da Vítima

Nome: Pedro
 (Empresário)

1 -	
2 -	
3 -	
4 -	
5 -	
6 -	
7 -	
8 -	

DNA - você sabia?
 Em média, você e seu irmão ou irmã partilham metade do seu DNA?

DETETIVE FORENSE
Perfil de DNA do suspeito

Nome: Olivia
(Professora)

1 -	■
2 -	
3 -	
4 -	
5 -	
6 -	■
7 -	■
8 -	

DNA - Você sabia?

O DNA é responsável por muitas das características das pessoas e até pode revelar as doenças que uma pessoa tem.

DETETIVE FORENSE
Perfil de DNA do suspeito

Nome: Dave
(Explorador)

1 -	
2 -	■
3 -	■
4 -	
5 -	
6 -	
7 -	■
8 -	

DNA - Você sabia?

Muitos países têm uma base de dados de DNA de todas as pessoas condenadas por um crime. Isto simplifica a detenção de criminosos.

DETETIVE FORENSE
Perfil de DNA do suspeito

Nome: Lisa
(Empregada de Hotel)

1 -	■
2 -	■
3 -	
4 -	
5 -	
6 -	■
7 -	
8 -	

DNA - Você sabia?

Um teste de DNA, costumava custar de 5 mil a 10 mil reais. Hoje, pode-se pagar cerca de 600,00 por um teste.

DETETIVE FORENSE
Perfil de DNA do suspeito

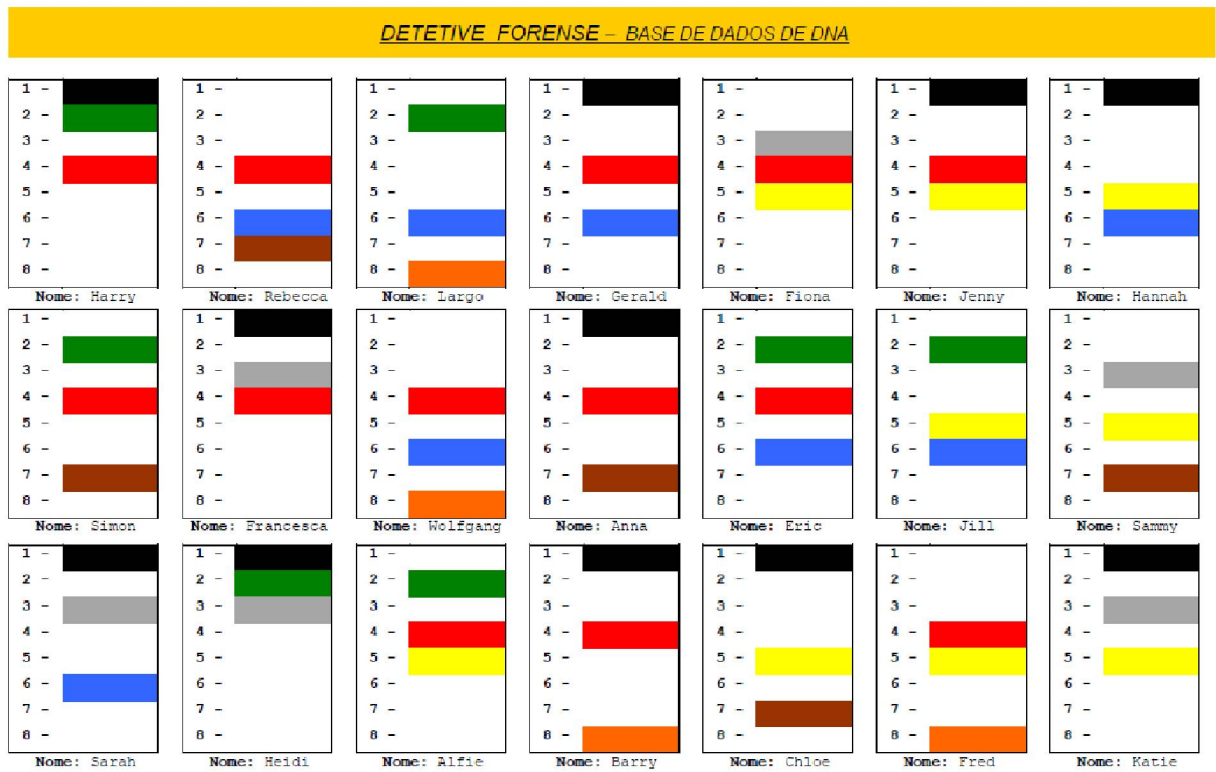
Nome: Melinda
(Mulher da Vítima)

1 -	
2 -	
3 -	■
4 -	■
5 -	
6 -	■
7 -	
8 -	

DNA - Você sabia?

Pode obter-se DNA a partir de muitas células de uma pessoa - estas podem ser encontradas no sangue, cabelo, suor, pele, etc.

Banco de dados, com perfil de criminosos (consultar fazendo comparação com os perfis dos suspeitos)



Fonte: <https://www.scienceinschool.org/2011/issue19/detective> (adaptado)

Atividade 6 – DNA *Barcoding*

TEMA: **Técnica do DNA *Barcoding***

Número de aulas: 1

OBJETIVOS:

Geral:

Conhecer a técnica do DNA *Barcoding* e como é utilizada na classificação dos seres vivos.

Específicos:

- Compreender basicamente como é a técnica de DNA *Barcoding*.
- Verificar como é empregada a técnica para classificação de seres vivos e no combate a crimes ambientais.

CONTEÚDOS DE ENSINO: Técnica de DNA *Barcoding*, BOLD Systems

RECURSOS: Textos , dispositivos móveis para pesquisas .

METODOLOGIA:

O professor disponibiliza textos em arquivos, para que os estudantes possam acessar e fazer as leituras em casa. Durante a aula, equipes são formadas para discutir os textos , a fim de entender sobre a técnica de DNA *Barcoding*.

Textos sugeridos:

O que é o DNA Barcoding?

Como funciona o código de barras do DNA e o que ele fará

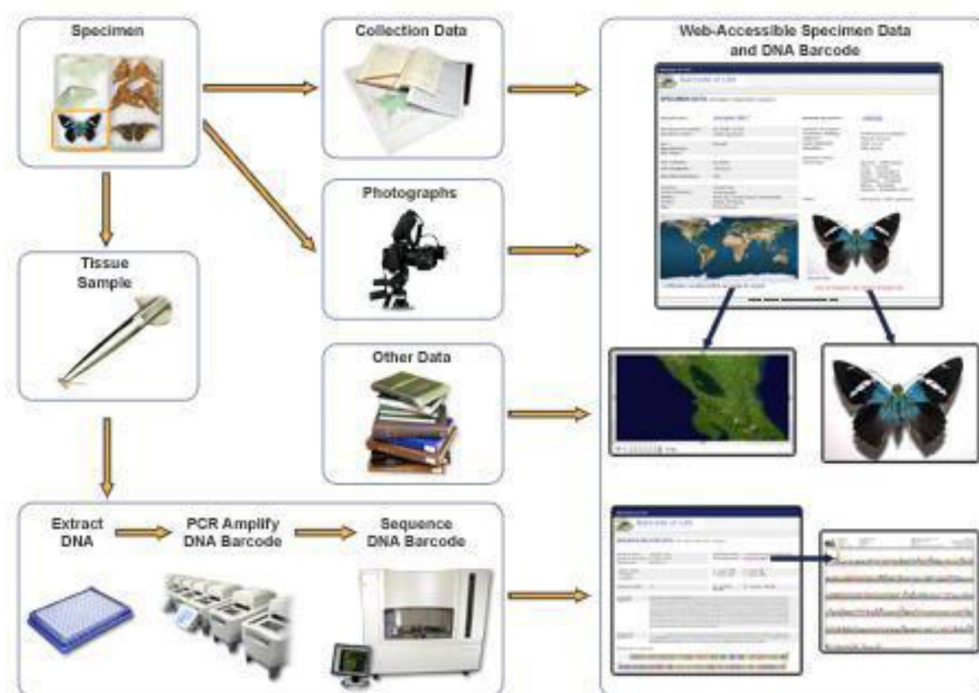
O código de barras do DNA primeiro chamou a atenção da comunidade científica em 2003, quando o grupo de pesquisa de Paul Hebert na Universidade de Guelph publicou um artigo intitulado "Identificações biológicas através de códigos de barras de DNA". Nele, eles propuseram um novo sistema de identificação e descoberta de espécies usando uma pequena seção de DNA de uma região padronizada do genoma. Essa sequência de DNA pode ser usada para identificar diferentes espécies, da mesma forma que um scanner de supermercado usa as faixas pretas familiares do código de barras UPC para identificar suas compras.

A região do gene que está sendo usada por quase todos os grupos animais, uma região de **648 pares** de bases no gene mitocondrial **citocromo c oxidase 1** ("CO1"), está se mostrando altamente eficaz na identificação de pássaros, borboletas, peixes, moscas e muitos outros grupos de animais. A vantagem de usar o COI é que ele é curto o suficiente para ser sequenciado de forma rápida e barata, mas com tempo suficiente para identificar variações entre as espécies. O código de barras COI não é eficaz para identificar plantas porque evolui muito lentamente.

Produção de Código de Barras

A identificação de espécies usando códigos de barras de DNA começa com a amostra. Projetos de código de barras obtêm espécimes de uma variedade de fontes. Alguns são coletados no campo, outros vêm das vastas coleções abrigadas em museus de história natural, jardins zoológicos, jardins botânicos e bancos de sementes, para citar alguns.

No laboratório, os técnicos usam um pequeno pedaço de tecido do espécime para extrair seu DNA. A região do código de barras é isolada, replicada usando um processo chamado amplificação por PCR e depois sequenciada. A sequência é representada por uma série de letras **CATG** representando os ácidos nucleicos - citosina, adenina, timina e guanina.



A sequência de códigos de barras de um toutinegra do Ártico (*Phylloscopus borealis*):
 CCTATACCTAATCTTCGGAGCATGAGCGGGCATGGTAGGC

E a imagem do código de barras de *Phylloscopus borealis*



Uma vez obtida a sequência de códigos de barras, ela é colocada no banco de dados BOLD (Barcode of Life Data Systems) - uma biblioteca de referência de códigos de barras de DNA que pode ser usada para atribuir identidades a amostras desconhecidas.

O BOLD é um repositório pesquisável para registros de códigos de barras, armazenando dados e imagens de amostras, bem como sequências e arquivos de rastreamento. Ele fornece um mecanismo de identificação baseado na biblioteca atual de códigos de barras e monitora o número de registros de sequência de códigos de barras e cobertura de espécies.

CÓDIGO DE BARRAS DA VIDA – INICIATIVA PARA CODIFICAR O DNA

15/07/2016



Codificar o DNA é uma iniciativa maravilhosa do código de barras da vida (inspirada pela indústria de codificação do varejo onde cada produto único carrega um número de código de barras único, que pode ser usado para saber uma série de outras informações sobre o item) que pode ser utilizado para criar uma **biblioteca de código de barras**, catalogando a enorme variedade de espécies encontradas na terra.

Ao usar uma pequena parte de uma determinada planta ou DNA de um animal para criar um identificador único para essa espécie, um “código de barras” para essa criatura pode ser catalogado – embora, claro, eles são muito mais complicados do que os códigos de barras lineares normais! (E talvez mais bonitos também...)



Uma comparação de códigos de barras de DNA em duas borboletas e duas espécies de coruja

O QUE É CODIFICAÇÃO DO DNA E DE ONDE ELA SE ORIGINOU?

O pesquisador canadense Paul Herbert e sua equipe da Universidade de Guelph, em Ontário, propuseram pela primeira vez o sistema de codificação de DNA (Identificações biológicas através de códigos de barras de DNA) em 2003. O objetivo deles era o de utilizar uma pequena parte de DNA numa seção padronizada do genoma que pode ser utilizada como um identificador único para uma espécie em particular.

Herbert pensou nessa ideia em um supermercado no final da década de 1990: “Eu imaginei que se o setor de varejo pode usar alguns números para representar uma grande variedade de produtos, por que não podemos olhar para o DNA da mesma forma?”

Estima-se que pode haver até 100 milhões de espécies diferentes na Terra, e antes da iniciativa de codificação do DNA, menos de dois milhões dessas haviam sido catalogadas. Na taxonomia tradicional, algumas teclas e funções são utilizadas por taxonomistas especializados para identificar uma determinada amostra, e, até mesmo um pesquisador muito experiente pode não ser capaz de identificar uma espécie, se o espécime estiver danificado ou ainda em uma fase juvenil do desenvolvimento.

Como o DNA é o mesmo em todas as fases de crescimento e pode ser retirado de uma amostra minúscula de um organismo, ele fornece a forma mais rápida e precisa de identificar as espécies existentes e catalogar novas descobertas corretamente. E, claro, você não precisaria de anos de estudo e experiência para usá-lo, e seria muito menos dispendioso.



COMO A CODIFICAÇÃO DO DNA FUNCIONA?

A parte padrão do cromossomo usado para a codificação do DNA em animais é chamada região CO1, a qual contém 648 pares de bases.

Como cada cadeia de DNA é composta por quatro nucleotídeos: adenina, guanina, timina e citosina (A, G, T e C) – elas podem ser alocadas como uma cor (**adenina = verde, guanina = preto, timina = vermelho e citosina = azul**) e mostradas na sequência para criar esse tipo de “código de barras” de animais – que vão parecer como os seus homólogos de código de barras de varejo!

O Código de Barras Internacional da Vida recolhe amostras de todo o mundo – seja diretamente de coletores no campo, museus e jardins botânicos, entre muitos outros.

Assim que as amostras chegam ao laboratório, uma pequena parte da amostra é utilizada para extrair DNA do organismo. Através de um processo conhecido como amplificação por PCR, a região da cadeia de DNA usada para o código de barras é replicada e sequenciada, e pode então ser arquivada numa base de dados.

O maior banco de dados global está alojado na [Base de Dados do Código de Barras da Vida \(BOLD\)](#) e atualmente tem mais de 1.5 milhões de registros que são acessíveis ao público. Esses registros contêm informações imensamente valiosas sobre onde e quando o espécime foi coletado, que equipe de investigação fez a coleta e quem era o líder da equipe, e a informação de gênero, família e espécie, é claro.

Por exemplo, este autor pesquisou seu animal favorito – a orca ou baleia assassina, *Orcinus orca* – e a primeira entrada de dados traz a seguinte sequência de nucleotídeos:

```
ACCCTATATTTACTATTTGGCGCCTGAGCGGGAATAGTAGGTAAGTCTAAGCTTATTGATTTCGTGCTGAATTA
GGTCAACCTGGTACACTTATTGGAGACGACCAGCTTTATAATGTTCTAGTAACAGCTCATGCCTTCGTAATAATT
TTCTTTATAGTCATACCTATCATAAATTGGAGTTTTGGAAACTGATTAGTTCCTTAATAATTGGAGCCCCTGAC
ATAGCATTCCCTCGTCTAAACAACATAAGCTTCTGACTACTTCCCCCTTCCTTCTACTATTAATAGCGTCTTCG
ATAGTTGAAGCTGGCGCAGGTACAGGCTGAACTGTATATCCTCCCTTAGCCGGAAATCTAGCACATGCAGGAGCC
TCAGTAGACCTTACTATTTTCTCCCTACATTTAGCCGGCGTATCTTCAATCCTTGGGGCTATTAACCTCATTACA
ACTATTATTAATAAAAACCCCGCTATGACTCAATACCAAACACCTCTCTCGTCTGATCAGTCCTTGTTACA
GCAACCTTACTTTTACTATCACTACCTGTCTTAGCAGCCGGAATTACTATACTATTGACTGATCGAAATCTAAAC
ACAACCTTTTTCGACCCGGCAGGAGGAGGGGATCCAATCTTATATCAACACTTATTC
```

Sequência para a orca ou baleia assassina (*Orcinus orca*). A sequência de nucleotídeos usada para codificar o DNA da *Orcinus orca* – a baleia assassina

E o seu código de barras de DNA correspondente:



Código de barras de DNA para a orca

OS BENEFÍCIOS DA CODIFICAÇÃO DO DNA:

Um dos **principais benefícios** da codificação do DNA está na **identificação de animais contrabandeados**, como nos **comércios de carne de caça ilegal e o contrabando de espécies altamente ameaçadas**.

Ao ser capaz de identificar um animal (mesmo a partir de ovos, no caso de aves e répteis) como os ameaçados de extinção e os ilegais para o transporte, as autoridades podem fazer prisões de forma confiante e rápida.

Outro grande benefício pode ser para iniciativas de saúde pública, tais como o **controle de doenças como a malária e outras doenças transmitidas por insetos**.

Hoje em dia, os projetos estão operando na coleção de espécimes de mosquitos na Índia, moscas negras na América do Sul que transmitem a cegueira do rio, e parasitas que afligem o gado na América Central e no México.

Outros benefícios potenciais incluem a **regulação da segurança alimentar, a monitorização dos ecossistemas para a pesquisa de conservação e mudanças climáticas, gestão de recursos e controle de espécies exóticas e invasoras**.

Fonte: <https://codigosdebarrasbrasil.com.br/codigo-de-barras-da-vida-iniciativa-para-codificar-o-dna/>

Cientistas exploram código de barras de animais e plantas (adaptado)

Utilizando técnica de DNA Barcoding, cientistas pretendem catalogar 10% das espécies biológicas do Brasil em quatro anos.

Por **Fábio de Castro** 12 jul 2011



O código de barras mapeia parte do DNA das espécies, permitindo identificá-las sem que seja necessário sequenciar o genoma inteiro (Divulgação / CBOL/).

Banco de dados da vida

A rede, coordenada por Oliveira e integra o projeto internacional Barcode of Life (“Código de Barras da Vida, ou iBOL, na sigla em inglês), iniciado em 2004. Os dados coletados são inseridos na base de dados Barcode of Life Data Systems (BOLD, na sigla em inglês).

“O objetivo é que, em quatro anos, sejam catalogados 120 mil exemplares na base BOLD. Nossa estimativa é que isso corresponda a cerca de 10% da biodiversidade brasileira”,

disse Oliveira. Segundo ele, atualmente são conhecidas – isto é, possuem nome científico – cerca de 50 mil espécies de vertebrados, 800 mil espécies de insetos, 200 mil espécies de plantas com flores. Mas os números das espécies desconhecidas são muito mais impressionantes.

“Estima-se que o número de espécies ignoradas seja da ordem de 10 vezes o número das espécies identificadas taxonomicamente. Os vertebrados são até bem conhecidos. Calcula-se que a taxa

de desconhecimento seja de apenas 7%. Mas essa taxa é de 15% para as plantas, 65% para moluscos, 80% para protozoários, 90% para insetos e 99% para bactérias, por exemplo. Por isso é fundamental ter um método simples e eficaz de identificação, como o DNA Barcoding”, afirmou.

A base BOLD tem catalogadas mais de 106 mil espécies descritas em mais de 1,2 milhão de registros de código de barras. O processo é rápido, já que começou há apenas cinco anos. Mas a principal característica é a confiabilidade. Com a técnica, os cientistas têm mais de 90% de chance de identificar com precisão as espécies.

“A base BOLD preza muito pela qualidade dos dados. Para cada indivíduo há duas páginas de informação e não se trata de informação estática. Se identificamos uma sequência idêntica à que está na base, mas verificamos que o organismo é outro, podemos fazer reparos nos dados. Assim, o crescimento da base de dados apura sua qualidade progressivamente”, disse Oliveira.

Erro histórico

Durante o evento, que foi realizado em conjunto com a 7ª Reunião de Avaliação do Programa BIOTA-FAPESP e a Reunião de Avaliação do BIOprospecTA, Oliveira apresentou uma conferência sobre a aplicação do DNA Barcoding no estudo comparativo de faunas. Ele descreveu um estudo realizado por seu grupo que, **graças à técnica do DNA Barcoding, foi capaz de revelar e corrigir um erro taxonômico histórico**. Em artigo publicado na revista Zootaxa, os cientistas revelaram que existiam dois nomes para uma única espécie de tainha.

Fonte: <https://exame.abril.com.br/ciencia/cientistas-decifram-codigo-de-barras-de-animais-e-plantas/>

ATIVIDADE 7: DNA e Crimes Ambientais

TEMA: Crimes ambientais

Número de aulas: 3

OBJETIVOS:

Geral: Conhecer os tipos de crimes ambientais mais comuns no Brasil.

Específicos:

- Analisar os tipos de crimes ambientais relacionados a fauna brasileira.
- Pesquisar sobre os tipos de fraudes alimentares relacionadas carnes.
- Compreender como são detectadas fraudes em alimentos de origem animal, através de teste de DNA.
- Verificar como são apreendidos animais provenientes de tráfico e biopirataria, e as técnicas genéticas utilizadas para comprovação de crimes.

CONTEÚDOS DE ENSINO: Crimes ambientais, crimes contra a fauna brasileira, biopirataria, fraudes alimentares em carnes.

RECURSOS: Textos, dispositivos móveis para pesquisas e produções.

METODOLOGIA:

1ª aula: O professor enviar arquivos com textos digitais aos estudantes. Esses leem o texto inicial, que trata de crimes ambientais. Após a leitura (que pode ter sido feita anteriormente em casa), o professor incentiva a discussão do texto, focando mais nos crimes relacionados a fauna.

2ª aula: Divididos em duplas, os estudantes escolhem um texto relacionado a crimes contra a fauna ou fraudes em carnes. Fazem a leitura, discutem com a mediação do professor, que os incentiva a fazerem mais buscas na internet sobre o tema. Os estudantes registram as partes mais importantes do texto para apresentarem aos colegas, de forma criativa. Para essa apresentação, eles podem utilizar tecnologias variadas a escolha deles, como STOP MOTION, infográfico, produção de aplicativo, produção de site, história em quadrinhos virtual, dentre outros.

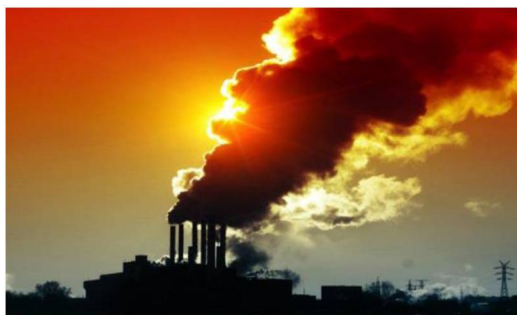
3ª aula: Apresentação e discussão das atividades, procurando salientar os pontos mais importantes dos textos, principalmente as tecnologias utilizadas no combate a esses crimes.

Sugestão de textos para utilizar neste tema:

O que é considerado um Crime Ambiental no Brasil?

Processos Administrativos Ambientais Legislação Ambiental 13/03 Alana

Lanza



A forma como o meio ambiente é utilizado pelo ser humano e a preservação da natureza são consideradas uma extensão do direito à vida. Com base nesse conceito, a Constituição de 1998 tem uma área para estabelecer regras ambientais e garantir que o **Meio Ambiente seja preservado** adequadamente e que ações prejudiciais sejam devidamente penalizadas.

Desse modo, ficou estabelecido **que crime ambiental é qualquer ação que prejudica os elementos que formam o ambiente de modo que ultrapassem limites estabelecidos pela lei, sejam eles na fauna, na flora, recursos naturais ou patrimônio cultural**. Além disso, condutas e comportamentos que ignoram normas ambientais legalmente estabelecidas, mas que não prejudicam diretamente o meio, também são consideradas crimes ambientais.

Popularmente conhecida como [Lei de Crimes Ambientais, a lei 9.605 de 1998](#), é responsável por determinar quais condutas e ações devem ser criminalizadas pela justiça. Portanto, é ela que define as atitudes criminosas ocorridas contra o meio ambiente e quais procedimentos são necessários para que haja devida penalização.

A Lei de Crimes Ambientais tem vertentes para facilitar formas de julgamento e as consequências destinadas àqueles que cometem dos crimes ambientais. Essas vertentes são:

Crime contra a Fauna



- Ações prejudiciais cometidas contra animais silvestres, nativos ou em rota migratória, como caçar, pescar, matar, perseguir, apanhar, utilizar, vender, expor, exportar, adquirir, impedir a procriação, maltratar,
- Realizar experiências dolorosas ou cruéis com animais quando existe outra forma de trabalho, mesmo que para fim didático ou científico,
- Transportar, manter em cativeiro ou depósito espécimes, ovos ou larvas sem autorização ambiental ou em desacordo com a lei,
- Modificação ou destruição de ninho, abrigo ou criadouro natural,
- A introdução de espécies animais estrangeiras em solo brasileiro sem devida autorização,
- Extermínio de espécies devido à poluição.

Crime contra a Flora



- Destruir ou danificar floresta permanente, mesmo que ela esteja em formação, utilizá-la em desacordo com as normas de proteção, assim como usar as vegetações fixadoras de dunas ou protetoras de mangues,
- Causar danos diretos ou indiretos às unidades de conservação,
- Provocar incêndio em mata ou floresta ou fabricar, vender, transportar ou soltar balões que possam provocá-lo em qualquer área,
- Extração, corte, aquisição, venda, exposição para fins comerciais de madeira, lenha, carvão e outros produtos de origem vegetal sem a devida autorização ou em desacordo com a Lei 9.605 de 1998,
- Extrair de florestas de domínio público ou de preservação permanente pedra, areia, cal ou qualquer espécie de mineral,
- Impedir ou dificultar a regeneração natural de qualquer forma de vegetação,
- Destruir, danificar, lesar ou maltratar plantas de ornamentação de logradouros públicos ou em propriedade privada alheia,
- Comercializar ou utilizar motosserras sem a devida autorização. Neste caso, se a degradação da flora provocar mudanças climáticas ou alteração de corpos hídricos e erosão a pena é aumentada de um sexto a um terço.

Poluição e outros Crimes Ambientais



- Poluição acima dos limites estabelecidos por lei,
- Poluição que provoque ou possa provocar danos à saúde humana, morte de animais e destruição significativa da flora,
- Poluição que torne os locais inapropriados para ocupação humana,
- Poluição hídrica que torne necessária a interrupção de abastecimento público,
- Falta de adoção de medidas preventivas em caso de risco ambiental grave ou irreversível,
- Pesquisa lavra ou extração de recursos minerais sem autorização ou em desacordo com a Lei de Crimes Ambientais e a não recuperação da área explorada,
- A produção, processamento, embalagem, importação, exportação, comercialização, fornecimento, transporte, armazenamento, guarda, abandono ou uso de substâncias tóxicas, perigosas ou nocivas à saúde humana ou em desacordo com as leis,
- Construir, reformar, ampliar, instalar ou fazer funcionar empreendimentos de potencial poluidor sem licença ambiental ou em desacordo com as normas,
- Disseminação de doenças, pragas ou espécies que possam causar dano à agricultura, à pecuária, à fauna, à flora e aos ecossistemas.

Crimes contra Ordenamento Urbano e Patrimônio Cultural



- Destruir, inutilizar, deteriorar, alterar o aspecto ou estrutura sem devida autorização,
- Pichar ou grafitar bem, edificação ou local especialmente protegido por lei,
- Danificar registros, documentos, museus, bibliotecas e qualquer outra estrutura, edificação ou local protegidos quer por seu valor paisagístico, histórico, cultural, religioso e arqueológico,

- **Construção em solo não edificável (por exemplo áreas de preservação), ou no seu entorno, sem autorização ou em desacordo com a autorização concedida.**

Crimes contra a Administração Ambiental

- Afirmação falsa ou enganosa, sonegação ou omissão de informações e dados técnico-científicos em processos de licenciamento ou autorização ambiental,
- Concessão de licenças ou autorizações em desacordo com as normas ambientais,
- Deixar, aquele que tiver o dever legal ou contratual de fazê-lo, de cumprir obrigação de relevante interesse ambiental,
- Dificultar ou obstar a ação fiscalizadora do Poder Público.

As penas previstas pela Lei de Crimes Ambientais são aplicadas **conforme a gravidade da infração**: quanto mais reprovável a conduta, mais severa a punição. Se destacam entre as punições, o regime penitenciário, multas, suspensão de atividades, prestação de serviços à comunidade, interdição temporária de direitos, recolhimento domiciliar, entre outros.

Fonte: <https://ibracam.com.br/blog/o-que-e-considerado-um-crime-ambiental-no-brasil>

Genética Forense contra a Biopirataria

por Victor Wilson Botteon setembro 19, 2018 11:23 pm



O tráfico de animais silvestres é considerado a terceira atividade criminosa mais rentável do mundo, movimentando cerca de 10-20 bilhões de dólares/ano, e o Brasil representa um prato cheio para os criminosos ao abrigar aproximadamente 14% da biota mundial. Estimativas sugerem que o tráfico de animais selvagens é responsável pela captura de 38 milhões de espécimes da fauna silvestre brasileira, ameaçando a biodiversidade em um mercado estimado em cerca de US\$ 1 bilhão anualmente, segundo consta no [1º Relatório Nacional sobre Tráfico de Fauna Silvestre da RENCITAS](#) – Rede Nacional de Combate ao Tráfico de Animais Silvestres.

Promulgada em fevereiro do ano de 1998, a Lei de Crimes Ambientais ([Lei Federal nº 9.605/1998](#)) representou um marco histórico na legislação ambiental brasileira para a defesa da fauna e da flora nacional, versando sobre as sanções penais e administrativas derivadas de condutas e atividades lesivas ao meio ambiente. As condutas penais contra a fauna e contra a flora, previstas nesta lei, são de crimes materiais e, dentre os diversos meios produtores de prova, a perícia ambiental criminal se destaca para o esclarecimento de questões destinadas a apurar determinado fato relacionado a litígios ambientais. Em virtude da importância e da grande complexidade de ilícitos contra o meio ambiente, é fundamental que se desenvolvam tecnologias e novas metodologias para auxiliar os exames periciais na materialização dos delitos.

Nesse contexto, a identificação das espécies de animais apreendidas é fundamental para a caracterização do crime e punição dos infratores. Entretanto, muitas das vezes, o material apreendido pela polícia se trata de produtos ou subprodutos da fauna, como carnes, ovos, estruturas corpóreas, couro, pele, venenos/toxinas, dentre outros, prejudicando demasiadamente a identificação taxonômica da(s) espécie(s). Quando a identificação morfológica é comprometida, a Genética Forense pode ser uma alternativa viável para associar as amostras desconhecidas a uma amostra de referência.

Diferentemente da identificação humana, onde são utilizados *loci* de marcadores do tipo microssatélites ou STRs (do inglês [Short Tandem Repeats](#)) como marcadores genéticos oriundos

Método de pesquisa de DNA realizado pela UFMG combate tráfico de aves

O teste de DNA das aves desenvolvido no Instituto de Ciências Biológicas da universidade identifica paternidade de pássaros ameaçados de extinção e comercializados ilegalmente

[EM Estado de Minas](#) 11/12/2017



O trinca-ferro é um dos pássaros silvestres visados pelos traficantes (foto: Jair Amaral/EM/D.A.Press)

Uma nova arma de combate ao tráfico de pássaros silvestres foi concebida na Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG). Trata-se de um método de identificação de paternidade por meio de sequenciamento genético desenvolvido no Departamento de Biologia Geral do Instituto de Ciências Biológicas (ICB) da universidade. O projeto nasceu de demanda apresentada pelo Instituto Brasileiro de Meio Ambiente (IBAMA). Segundo o órgão, as aves representam 80% dos animais silvestres negociados nesse mercado clandestino no Brasil. O trinca-ferro, o papagaio e o sofrê estão entre as espécies mais visadas por grupos criminosos.

O teste é um dos principais resultados do projeto biologia forense: desenvolvimento de tecnologia e formação de recursos humanos em genética forense e perícia ambiental, criado há três anos sob a coordenação do professor Evanguedes Kalapothakis, do ICB/UFMG. **“Como o exame consegue identificar os pais de um filhote de pássaro, é possível descobrir se ele nasceu no criadouro legalizado ou se foi capturado ilegalmente na natureza. Quando os pais do filhote são do criatório onde ele nasceu, constata-se que tudo foi feito dentro da lei”**, explica o professor. Segundo Kalapothakis, para coibir o tráfico de espécies, principalmente daquelas ameaçadas de extinção, os criatórios legalizados são cadastrados no Ibama. Neles, todos os filhotes que

nascem ganham uma identificação especial, que favorece o controle e a venda das espécies. O crime se configura quando donos de criatórios capturam os pássaros na natureza e implantam neles as anilhas de identificação, como se o animal tivesse nascido naquele local. Esses animais capturados ilegalmente são, então, comercializados no mercado.

“O Ibama nos encomendou o método de diagnóstico da paternidade com o intuito de realizar um trabalho de perícia nos criatórios. Em 2015, desenvolvemos o método e realizamos os exames com espécies de papagaio de um criatório de Belo Horizonte e constatamos que 100% das aves daquele local haviam sido capturadas na natureza e não reproduzidas legalmente em cativeiro”, relata o professor Evanguedes.



Maioria dos flagrantes de tráfico de animais da fauna é de aves (foto: Maria Tereza Correa/EM/D.A.Press)

Aparelho de última geração realiza sequenciamento genético

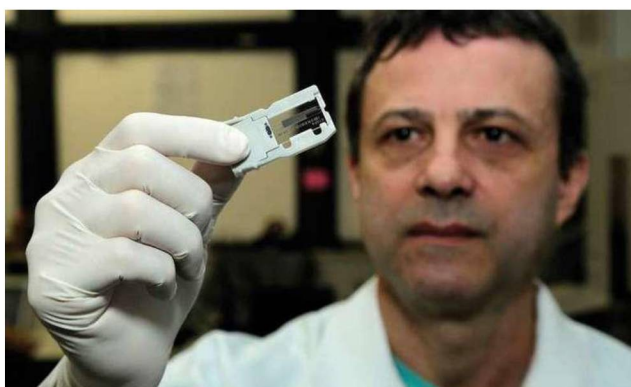
O método consiste na **coleta das amostras de DNA das aves**, que são colocadas em um aparelho de última geração, capaz de realizar o **sequenciamento genético** de 384 amostras biológicas de uma vez. Em seguida, o equipamento fornece uma pré-análise computacional dos sequenciamentos gerados. O professor Evanguedes explica que o exame é feito por meio da análise de DNA, a exemplo do que ocorre nos testes de paternidade realizados em humanos. A tecnologia revela o pai e a mãe do filhote, correlacionando o material genético dos animais.

“Inicialmente, criamos o método para o papagaio. Agora estamos desenvolvendo exames de paternidade em pássaros das espécies trinca-ferro e sofrê. **O método é muito viável**

economicamente, pois cada amostra analisada custaria entre R\$ 30 e R\$ 50. Levando em conta que há pássaros capturados ilegalmente e comercializados por mais de R\$ 5 mil, **percebe-se que os exames podem contribuir para a diminuição desse tipo de crime**”.

Além da realização dos testes de paternidade nas aves escolhidas pelo IBAMA, o método também visa à formação de recursos humanos na área de genética forense.

Teste de DNA beneficia criadores que atuam na legalidade



Evanguedes: teste correlaciona material genético para revelar mãe e pai do filhote (foto: Foca Lisboa/UFGM/Divulgação)

Segundo Evanguedes Kalapothakis, os testes de paternidade em animais também vão beneficiar os criadores que obedecem à legislação. “No Brasil, há uma demanda para a compra de aves que não pode ser ignorada. É claro que, para o pássaro, é melhor viver livre na natureza. Mas, a partir do momento em que há pessoas capturando e comercializando aves de forma ilegal, é necessário que sejam adotados métodos para punir essa prática”, defende.

O professor acrescenta que o projeto também valoriza quem cria e vende pássaros de forma legal. “Esse projeto preserva as pessoas que trabalham corretamente. Ele legaliza os criadores, que passam a vender os animais por preço justo, sem a necessidade de competir com quem está capturando os pássaros na natureza”, conclui. O projeto é financiado pela Capes/MEC.

Fonte: https://www.em.com.br/app/noticia/gerais/2017/12/11/interna_gerais.923864/metodo-de-pesquisa-de-dna-realizado-pela-ufmg-combate-traffic-de-aves.shtml

Textos sobre Fraudes alimentares:

Detetives estudantis usando DNA revelam zoológico de 95 espécies em residências de Nova York - e novas evidências de fraude alimentar

(adaptado)

1º de janeiro de 2010

Fonte: Universidade Rockefeller

Dois estudantes do ensino médio de Nova York explorando suas casas usando as mais recentes técnicas de análise de DNA de alta tecnologia ficaram surpresos ao descobrir um verdadeiro zoológico de 95 espécies de animais ao seu redor, desde geladeiras a móveis, de calçadas a caixas de transporte e de espanadores para cantos de chão.

Guiada por especialistas em DNA "Barcoding" na Universidade Rockefeller e no Museu Americano de História Natural, os alunos do 12º ano Brenda Tan e Matt Cost da Trinity School, em Manhattan, também revelaram muitas aparentes fraudes ao consumidor em andamento, descobrindo que os rótulos de 11 de 66 produtos alimentícios comprados em mercados locais deturparam o conteúdo real.

Tan e Cost também encontraram uma espécie invasora de inseto em uma caixa de grapefruit do Texas. E a dupla pode começar a cunhar um nome em latim para o que poderia ser uma nova espécie ou subespécie da barata de Nova York revelada pelo código de barras do DNA.

O trabalho baseia-se nas descobertas de "sushi-gate" de 2008 de outros dois alunos da Trinity School, Kate Stoeckle e Louisa Strauss, que descobriram que um quarto dos peixes que compraram em mercados e restaurantes em Manhattan foram rotulados erroneamente. Alguns rótulos escondiam espécies ameaçadas de extinção, mas a maioria deturpava espécies de peixes baratos, como a tilápia, vendida como espécies caras, como o atum.

<http://phe.rockefeller.edu/barcode/dnahouse.html> .

O novo estudo de código de barras de Tan e Cost descobriu exemplos adicionais e tipos de **produtos alimentícios "rotulados erroneamente"**:

Uma especialidade cara "leite de ovelha" queijo feito de fato a partir de leite de vaca;

“Carne de veado” trata de carne bovina;

"Caviar de esturjão" que era realmente paddle fish Mississippi;

Uma iguaria chamada "tubarão seco", que provou ser a peixe de água doce do Rio Nilo;

Um rótulo de "catfish amarelo congelado" em catfish walking, uma espécie invasora;

O peixe denominado anchova japonesa, na realidade era um peixe não relacionado;

"Caranha-do-mar do Caribe", que se revelou ser do Malabo, um peixe do sudeste da Ásia.

Embora não identifiquem publicamente os produtos ou varejistas envolvidos, os alunos dão suas opiniões:

"Você deve obter o que você paga", diz Cost, 18. **“Não sabemos onde isso ocorre, mas a maioria dos erros envolve a substituição de algo menos caro ou desejável, o que sugere que é feito para o lucro”**. Além disso, a rotulagem incorreta expõe pessoas com intolerância ou alergia a certos alimentos, ou enganam as pessoas com restrições alimentares. Muitos hindus podem ficar chateados ao descobrir que eles compraram um produto rotulado como “ovelha” que na verdade era feito de vacas.

"A verdade nos rótulos - especialmente quando se trata de alimentos - precisa ser absolutamente incontestável. A rotulagem fraudulenta levou a casos de envenenamento por baiacu nos EUA".

"Conhecer as fontes de alimentos para animais de estimação como cães e gatos também é importante", acrescenta Tan.

“E a identificação de espécies pode ajudar a proteger o meio ambiente”. Espécies que têm status protegido não devem ser vendidas.

"Mas como os consumidores devem se proteger? Algum dia, o código de barras do DNA pode ser um aplicativo legal para smartphones. Até lá, acreditamos que as agências governamentais deveriam começar a usar essas primeiras versões de ferramentas para policiar o mercado e quanto mais cedo melhor."

"Este relatório sinaliza às autoridades de alimentos e saúde em todo o mundo como é simples e fácil verificar e certificar as origens dos produtos no mercado,

reprimir os fraudadores e proteger tanto a saúde dos consumidores quanto as espécies em extinção", diz Mark Stoeckle (Universidade Rockefeller). "Diversos relatórios surgiram no último ano e meio sobre a tecnologia de código de barras do DNA expondo peixes rotulados erroneamente. Agora Brenda e Matt mostraram que muitos outros produtos alimentícios também são deturpados aos compradores. Nós suspeitamos que não demore muito para vermos as primeiras acusações criminais estabelecidas com base em evidências de códigos de barras do DNA."

Outros animais encontrados na pesquisa

"Podemos pensar que vivemos em um ambiente urbano estéril, aparentemente intocado pela natureza", diz Cost. "Nós imaginamos que os objetos são purificados e limpos para passar para o nosso mundo pessoal com evidências de sua fonte original, praticamente apagadas. Mas o DNA é incrivelmente resistente a danos em todo o processamento ao qual está sujeito. Obtemos DNA utilizável de 151 217 dos itens testados - incluindo mistura de sopa seca, biscoitos de cachorro, carne seca, manteiga, uma pena na calçada, esterco de cavalo do Central Park, até mesmo um espanador de penas."

Outros animais com os quais os estudantes descobriram que estavam vivendo incluem:

Baratas geneticamente distintas que podem ser uma nova espécie ou subespécie. Os espécimes coletados parecem ser baratas americanas comuns (*Periplaneta americana*), mas seu DNA diferiu em cerca de 4% da sequência de referência (as diferenças dentro das espécies são geralmente de 1% ou menos). Também foi encontrada centopeia de casa, de pernas longas e aparência estranha - uma espécie que se originou na Europa.

"Isso pode significar que nossos espécimes são uma espécie separada ou uma população isolada dentro da espécie", diz Tan.

Fonte: <https://www.sciencedaily.com/releases/2009/12/091228122240.htm>

O que realmente está no seu prato? Código de barras de DNA e fraude alimentar



Imagem © istockphoto.com/Franck-Boston

Victoria Veldhoen ,3 de agosto de 2013

No Canadá, passar por um policial é uma ofensa criminal. Pode resultar em até US \$ 5.000 em multas, até seis meses de prisão, ou ambos. Mas e se a sua casa de sushi favorita disser que eles estão lhe dando um rolo de atum, mas eles lhe servem um peixe completamente diferente vestido para parecer? Quando um comerciante delega erroneamente um produto alimentício com a intenção de enganar o consumidor, ele está cometendo fraude alimentar.

Você sabia? Exemplos de fraude de alimentos descobertos via DNA barcoding incluem “queijo de leite de ovelha” feitos de leite de vaca e cachorro “venison” trata de carne de vaca.

No passado, a detecção de fraude alimentar era mais difícil porque era difícil distinguir entre ingredientes com propriedades semelhantes - as que têm a mesma aparência, o mesmo cheiro, etc. Mas, graças ao código de barras do DNA, agora é possível detectar exatamente o que está no seu prato. . O princípio geral por trás do código de barras do DNA é atribuir uma etiqueta de DNA única para cada espécie individual, da mesma forma como cada item na mercearia tem seu próprio código UPC. Esta etiqueta de DNA torna possível rastrear qualquer ingrediente de volta para uma espécie específica.

À medida que mais e mais espécies são adicionadas aos bancos de dados de DNA, a detecção de fraudes de alimentos se torna ainda mais eficaz. E, devido à pura resiliência do DNA, é possível traçar as origens biológicas dos alimentos que foram congelados, fritos ou quimicamente alterados. A única exceção são os alimentos enlatados, que são processados em temperaturas altas o suficiente para quebrar o DNA em fragmentos muito pequenos.

Um vendedor que não identifica seu produto pode pensar que não está prejudicando ninguém. Eles fazem um pouco de lucro extra e o consumidor não é o mais sábio. Mas para pessoas que têm alergias alimentares, seguem restrições alimentares religiosas, ou simplesmente querem obter o que estão pagando, a fraude alimentar é uma preocupação muito real. Alimentos com rotulagem inadequada também podem ser considerados roubo.

Especial

Um problema mundial

- 77% a mais de tipos de espécies
- até 17% de tipos de espécies
- até 10% de tipos de espécies
- até 10% de tipos de espécies
- até 10% de tipos de espécies
- até 10% de tipos de espécies

Um mapa do mundo com ícones de peixes coloridos (vermelho, amarelo, verde, azul, roxo) sobrepostos a diferentes regiões, representando a distribuição global de fraudes no comércio de frutos do mar.

Uma das fraudes mais descobertas sob OMC China, a partir de estudos de campo, que a OMC nunca conseguiu de fato de detectar e fazer investigações no mundo.

Uma das fraudes mais descobertas sob OMC China, a partir de estudos de campo, que a OMC nunca conseguiu de fato de detectar e fazer investigações no mundo.

O intrincado enredo que permite os três tipos de fraudes mais comuns no pescado é como a tecnologia e as certificações podem ajudar sua empresa a combatê-los

Está tudo bem? Não, não está. Segundo a OMC, mais de 20% do pescado vendido no mundo é fraudado. Isso significa que, a cada dez peixes que você compra, um deles não é o que diz ser. Isso é um problema sério para os consumidores e para os produtores legítimos. A OMC, a Organização Mundial do Comércio, é a entidade responsável por garantir que o comércio internacional de produtos seja justo e transparente. No entanto, a fraude no comércio de frutos do mar é um dos maiores desafios que a OMC enfrenta atualmente. Segundo a OMC, a fraude no comércio de frutos do mar é responsável por cerca de 20% do comércio mundial de frutos do mar. Isso significa que, a cada dez peixes que você compra, um deles não é o que diz ser. Isso é um problema sério para os consumidores e para os produtores legítimos. A OMC, a Organização Mundial do Comércio, é a entidade responsável por garantir que o comércio internacional de produtos seja justo e transparente. No entanto, a fraude no comércio de frutos do mar é um dos maiores desafios que a OMC enfrenta atualmente.

Os três tipos mais comuns do fraude

- Taxa de espécies falsificadas mais elevada**: A taxa de espécies falsificadas mais elevada é a de espécies falsificadas. Isso significa que, a cada dez peixes que você compra, um deles não é o que diz ser. Isso é um problema sério para os consumidores e para os produtores legítimos.
- Excesso de gelamento**: O excesso de gelamento é um dos tipos mais comuns de fraude. Isso significa que, a cada dez peixes que você compra, um deles não é o que diz ser. Isso é um problema sério para os consumidores e para os produtores legítimos.
- Melhor sistema de identificação**: O melhor sistema de identificação é o sistema de identificação. Isso significa que, a cada dez peixes que você compra, um deles não é o que diz ser. Isso é um problema sério para os consumidores e para os produtores legítimos.

de países como a China e a Índia, que possuem grandes áreas de cultivo de peixes, mas cuja produção de frutos do mar é muito menor do que a dos países desenvolvidos. Isso significa que, a cada dez peixes que você compra, um deles não é o que diz ser. Isso é um problema sério para os consumidores e para os produtores legítimos.

Empresas sem estrutura de gerenciamento não devem tentar competir com as grandes empresas que estão investindo em tecnologia e em certificações. Isso significa que, a cada dez peixes que você compra, um deles não é o que diz ser. Isso é um problema sério para os consumidores e para os produtores legítimos.

CSI Anta

Para solucionar um crime ambiental no Mato Grosso, Ibama faz parceria com cientistas de Rio Claro que fisam o DNA para descobrir a identidade da vítima.

Reinaldo José Lopes

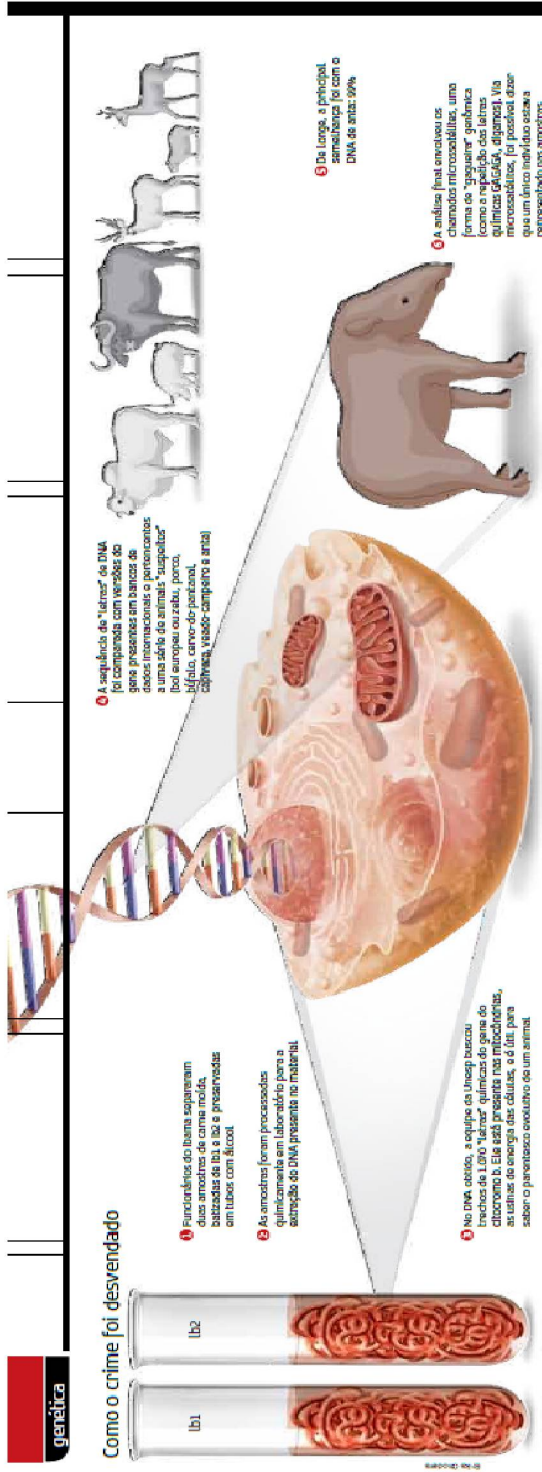


Estava tudo nos conformes para que o biólogo Wellington Adriano Moreira Peres, analista ambiental do Ibama em Canarana (MT), pegasse no flagra um suposto responsável por crimes contra a fauna nativa. Peres saiu à cata do possível infrator acompanhado de um oficial de justiça e munido de um mandado de busca e apreensão. Quando chegaram ao local onde o sujeito estaria, uma senhora explicou: "Ah, vocês estão procurando o meu filho, que mora aqui do lado. Vou chamar". A mulher se encaminhava para a casa vizinha, sem perceber que o biólogo a seguia. De contrário, não teria cometido a gafe que veio a seguir.

"Filho, joga a carne de anta pela janela que o Ibama tá aqui", disse ela. Seria um caso divertido, sem dúvida, se não fossem as estimativas macabras que formam o pano de fundo para a história da carne arremessada. Acredita-se que 23 milhões de vertebrados terrestres sejam abutidos ilegalmente a cada ano que passa na Amazônia brasileira, o equivalente a 89 mil toneladas de carne de caça. Quando só os filés desses bichos — ou, no caso de Canarana, a carne molida congelada, para ser preciso — são recuperadas, fica difícil comprovar o crime ambiental. Mas biólogos da Unesp e da UFSCar (Universidade Federal de São Carlos) confir-

maram, com a ajuda do DNA, a confissão involuntária. Era anta mesmo. Esse episódio de CSI ambiental só se tornou possível graças às conexões acadêmicas que costumam surgir no meio acadêmico. Antes de ser contratado pelo Ibama, Peres havia feito seu doutorado na UFSCar mais ou menos na mesma época em que Alexandra Sanches, hoje pesquisadora do Laboratório de Biologia da Conservação da Unesp de Rio Claro, tinha estudado lá. Lembrou-se da colega (os dois estudaram diversidade genética de peixes durante a pós-graduação) e decidiu pedir sua ajuda. "A gente apreendeu a carne, passou uma multa para o cidadão. Depois encontramos

o material para eles [os pesquisadores de Rio Claro], acompanhado de um ofício explicando a situação", conta Peres. O contato inicial entre o Ibama e os cientistas aconteceu em junho de 2009. As amostras chegaram em dois tubos, preenchidos com álcool e selados no momento da apreensão, conforme relatam os pesquisadores em artigo publicado em outubro do ano passado na revista científica *Conservation Genetics Resources*. As duas amostras foram batizadas com os códigos Ib1 e Ib2. Por si só, a incunfidência cometida pela mãe do suspeito não era suficiente para chegar a um veredicto, já que ela poderia simplesmente se desdizer quando fosse



genética

Como o crime foi desvendado

1 Funcionários do Ibrama separaram dois amostras de carne moída, batizadas de lb1 e lb2 e preservadas em tubos com álcool.

2 As amostras foram processadas quimicamente em laboratório para a separação do DNA presente no material.

3 No DNA obtido, a equipe da Unesp buscou trechos de 1.000 "letrões" químicos do gene do citocromo b. Ele está presente nos mitocôndrios, as usinas de energia das células, e é útil para saber o parentesco evolutivo de um animal.

4 A sequência de "letrões" de DNA foi comparada com versões do gene presentes em bancos de dados internacionais e pertencentes às espécies "suspeitas": boi, capivara, cervo, búfalo, cervo-de-pantanal, chivava, veado-campeiro e anta.

5 De longe, a principal semelhança foi com o DNA de anta: 99%.

6 A análise final envolveu os chamados microsatélites, uma forma de "gatilhos" genéticos como o espelinho dos letrões químicos (glúten, aljofar). Via microsatélites, foi possível fazer um tipo de impressão genética representado nos amostras.

ouvida formalmente. Por isso mesmo, era importante levantar evidências da genética forense sobre a identidade da carne – provavelmente o único modo seguro de determinar o origem do material. Segundo Alvaradura, a abordagem ainda é pouco explorada no Brasil. "Considerando os artigos publicados, só conheço mais um caso, que aborda a identificação da espécie capturada legalmente a partir de corcões amulados que se vendem na Amazônia, como oitões ou órgãos sexuais de boor", diz ela. O trabalho, por tanto, pode ser considerado pioneiro.

Dilema sulino

Logo de cara, a equipe que inclui ainda o biólogo Mauro Galati, também da Unesp de Rio Claro, e colegas da UFSCar, viu-se diante do que só pode ser descrito como um dilema sulino: "Segundo o Weibgen, as pessoas têm o costume de moer a carne com bacon por lá", afirma Alvaradura. Isso acabou exigindo que se lavasse em água a possível presença de DNA de porco no material durante a análise.

A mistura é feita basicamente por criatórios quilombolas, explica o funcionário do Ibrama. "A carne de anta é muito seca, porque praticamente não tem gordura,

O toucinho é moído junto com ela para dar a mais macia e, portanto, mais palatável para quem está acostumado com peixinhos recheados, diz Peres. Já considerando essa possível contaminação com DNA suíno, além de outras formas de contaminação comuns quando se lida com material genético, a equipe saiu à caça de fragmentos de um gene específico, que contém a receita da proteína chaperona b. Presente no chamado DNA mitocondrial (mtDNA), compõe uma estrutura das mitocôndrias, os "palmões" das células, a proteína é fundamental na geração de energia para os processos celulares. Mas o gene correspondente a ele é inexpressivo por outro motivo: trata-se de um indicador clássico de diferença genética entre seres vivos. Ajuda os biólogos, por exemplo, a determinar relações de parentesco dentro de famílias e gêneros (antes de ser usado para a identificação de espécies).

De posse dos dados do citocromo b, a equipe comparou a sequência de pouco mais de mil "letrões" químicos de DNA com versões do gene típicas de bichos que poderiam ser do paratupa paulista na região de Canarana. A lista incluía tanto espécies domésticas (boi, vaca, ovelha,

Caso encerrado?

Como o crime ambiental confirmado, além da multa, o responsável pela carne moída teve de prestar serviços comunitários. Esse evento está longe de ser um caso isolado. Em muitas áreas do Cerrado e da Mata Atlântica, a anta está extinta. Na Amazônia, diminuiu sobre a capivara (legal da espécie vão de uns 50 mil até cerca de 120 mil exemplares por ano). Em Canarana, onde o Cerrado predominava apesar de algumas áreas de mata mais fechada, Peres diz que os bichos ainda são relativamente abundantes.

"Pelo que a gente vê, o pessoal caça mais para consumo próprio mesmo, a

carne não costuma ser vendida", afirma o funcionário do Ibrama, que se diz favorável à proibição total da caça de animais silvestres que vigora hoje. "Não acho que adiantaria estabelecer cotas. Se o sujeito tivesse licença para caçar só anta, por exemplo, e passasse com uma peça, ele ia alucinar e parar também", afirma. Peres as universidades paulistas já ajudou a desenvolver um novo caso, bem menos romântico que o anterior: "Incontra-mos um pedaço de carne pendurado para secar no varal de uma fazenda, carne que claramente era de animal silvestre", conta Peres. A pista inicial, mais uma vez, sem a ver com a quantidade de gordura, batizada nos bichos capturados na fazenda – sem a presença de bacon dessa vez. Tratava-se de uma capivara.

Embora o Ibrama não possua estrutura própria para realizar os exames, Peres diz que a prática poderia ser tornada mais comum com relativa facilidade, desde que fossem firmadas parcerias com outras universidades. "A demanda não é tão grande, porque em geral as apreensões envolvem bichos pequenos, com pele ou couro, o que permite a identificação sem DNA. Por meio de parcerias, seria de fato, que colocar isso em prática", afirma.

Com o crime confirmado, o responsável pela carne moída teve de prestar serviços comunitários. Esse evento está longe de ser um caso isolado. Em muitas áreas do Cerrado e da Mata Atlântica, a anta está extinta. Na Amazônia, diminuiu sobre a capivara (legal da espécie vão de uns 50 mil até cerca de 120 mil exemplares por ano).

Em Canarana, onde o Cerrado predominava apesar de algumas áreas de mata mais fechada, Peres diz que os bichos ainda são relativamente abundantes. "Pelo que a gente vê, o pessoal caça mais para consumo próprio mesmo, a

Em alguns estados, de 10 peixes vendidos 4 são "falsos"

Ministério da Agricultura fez operação de fiscalização para descobrir fraude na venda de pescado. No golpe, peixes baratos são vendidos como espécies nobres.

14/04/2019



O peixe inteiro, nos mercados, nas feiras é mais fácil de reconhecer, mas e quando ele já está cortado em postas ou filés? Contra o "peixe falso", o Ministério da Agricultura faz, desde 2015, uma operação de fiscalização perto da Semana Santa.

Amostras de peixes coletadas em supermercados do país inteiro são levadas para um laboratório em Goiânia. Todos passam por testes de DNA para descobrir se o produto oferecido no rotulo é mesmo o peixe que o consumidor está levando pra casa.

Em alguns estados, o número de fraudes, de espécies baratas vendidas como se fossem peixes nobres, chega a quatro casos em dez.

Assista e faça anotações do vídeo, para discussões posteriores:
<https://g1.globo.com/fantastico/noticia/2019/04/14/em-alguns-estados-de-10-peixes-vendidos-4-sao-falsos.ghtml>

Anotações:

Polícia Federal investiga suspeita de fraudes em pescados (adaptado)

Segundo a PF, empresas em Santa Catarina estariam importando produtos adulterados e driblando a fiscalização.

Revista GLOBO RURAL 16 de Maio de 2017



Investigação da Polícia Federal atinge setor de pescados em Santa Catarina (Foto: CreativeCommons/Bill Bredley)

A Polícia Federal (PF) iniciou em 16/5/17, uma operação em Santa Catarina, uma operação para investigar suspeitas de “proteção ilícita” de empresas de alimentos por parte do Ministério da Agricultura (Mapa). A ação é realizada em Itajaí, Santa Catarina e mais de cem agentes cumprem 37 mandados judiciais no Estado.

É a segunda operação desencadeada pela Polícia Federal para apurar suspeitas de irregularidade na fiscalização de alimentos. **Outros 120 agentes federais em cinco Estados cumprem mandados judiciais em uma investigação de favorecimento de frigoríficos e laticínios.** A que funcionários da superintendência catarinense do Mapa estariam sendo perseguidos por fazerem a fiscalização. Eles sofreriam processos administrativos e remoções irregulares. Ocupantes de cargos de gestão e direção foram afastados.

De acordo com a corporação, foram encontrados documentos que indicam práticas irregulares de duas empresas de pescados. Elas colocavam no mercado produtos adulterados para elevação de peso. Além disso, as importações eram desviadas para driblar a inspeção sanitária.

“A adulteração consistia na adição de água e produtos químicos no interior dos pescados. A suspeita é de que as importações dos pescados eram desviadas por entrepostos frigoríficos de Itajaí não relacionados à área de pescados, para que, sem a reinspeção adequada e/ou com conivência de servidor público, ingressasse mais facilmente no país”, diz a nota da Polícia Federal.

Os envolvidos podem responder por crimes como associação criminosa, corrupção, venda de produtos adulterados, denúncia caluniosa e constrangimento ilegal.

Fonte: <https://revistagloborural.globo.com/Noticias/Criacao/Peixe/noticia/2017/05/policia-federal-investiga-suspeita-de-fraudes-em-pescados.html>

Fraude em peixes e frutos do mar ainda é uma ameaça para a cadeia de fornecimento (adaptado)

A fraude em alimentos é uma preocupação crescente. A ocorrência de recentes incidentes aumentou a necessidade de proteger os consumidores ao fortalecer a capacidade da indústria de peixes e frutos do mar de detectar e combater a fraude nas cadeias de fornecimento.

Alertas quanto à adulteração e substituição na cadeia de fornecimento de peixes e frutos do mar estão presentes há vários anos, muitas vezes com dados concretos de análise de DNA que corroboram as preocupações da indústria. Um dos testes mais famosos nos últimos anos foi conduzido pela [ONG Oceana](#), que realizou 280 testes de DNA em peixes em restaurantes localizados por toda a cidade de Bruxelas, capital da Bélgica. Os resultados foram surpreendentes, já que um em cada três pratos de peixe estava incorretamente identificado. Os problemas também não estavam restritos a nenhuma espécie em particular. Por exemplo, verificou-se que, de forma frequente, **a pescada era saithe e que apenas 5% dos pratos de atum azul eram genuínos, sendo que o peixe-espada era usado como substituto.**

Os avanços nos serviços de dados com foco em tecnologia, como o [DNAI Consumer Assurance](#) do Lloyd's Register (LR), utilizam serviços baseados em testes de DNA, que abrange da autenticação do produto à garantia de que não seja um OGM. Isso significa que novos níveis de segurança a partir de serviços como esses podem aumentar a confiança do consumidor com relação às marcas, reduzindo o risco de recalls onerosos para os fabricantes.

A fraude relativa aos peixes não se restringe a problemas de especiação de peixes brancos. [Um outro estudo da Oceana](#) realizado nos EUA revelou que, das **82 amostras de salmão recolhidas em varejistas e restaurantes, mais de 40% tinham sido incorretamente identificadas.** Os testes de DNA concluíram que, **dos peixes incorretamente identificados, mais de dois terços estavam sendo vendidos como selvagens quando eram, na verdade, criados em cativeiro.** Do mesmo modo, números alarmantes foram revelados por [pesquisadores da Universidade da Califórnia](#) que descobriram que quase **50% dos restaurantes de sushi que foram testados durante um período de quatro anos haviam identificado os peixes de forma errada, sendo que algumas espécies foram incorretamente identificadas em cada porção.**

Embora a maioria dos consumidores se preocupe principalmente com o fato de estar pagando um preço alto por peixes inferiores ou mais baratos, há também um sério risco à saúde pública. Por exemplo, muitos peixes com altos níveis de mercúrio estão sendo vendidos como peixes com baixo nível de mercúrio, e houve ainda casos em que o baiacu, que é altamente tóxico, foi usado como substituto do peixe-sapo.

Com o interesse do consumidor e a demanda por peixes realmente capturados de forma sustentável crescendo rapidamente, a ameaça de fraude representa um sério risco à reputação para todos os envolvidos na indústria de peixes e frutos do mar.

Algumas medidas simples como a compra de peixe certificado podem dar sólidas garantias quanto à procedência e à qualidade do produto. No setor de pesca, o rótulo ecológico do [Marine Stewardship Council \(MSC\)](#) é o selo de qualidade e sustentabilidade mais conceituado e tem uma cadeia de custódia transparente que rastreia os peixes certificados do mar até a mesa.

Uma vez que o peixe está se tornando cada vez mais importante como fonte global de alimentos, os riscos que alguns fornecedores enfrentarão ao vender espécies de peixes capturadas como algo que não são, provavelmente aumentará.

As partes interessadas e a confiança do consumidor

Combater a fraude nos alimentos não é uma questão de concorrência. É do interesse de todas as partes interessadas em todo o mundo e em toda a cadeia de fornecimento de alimentos trabalhar em conjunto para garantir que os consumidores tenham confiança de que os peixes e frutos do mar que consomem são seguros e foram produzidos de forma sustentável.

A globalização das cadeias de fornecimento e a necessidade de transparência e rastreabilidade provocaram mudanças na maneira como a segurança dos alimentos é tratada, e a indústria precisa começar a pensar na fraude em alimentos da mesma maneira.

Embora a gestão de uma cadeia de fornecimento global possa parecer assustadora, a longa experiência do Lloyd's Register no setor de alimentos e sua equipe de especialistas trabalham em parceria com os clientes para oferecer soluções simples e econômicas – com o

suporte de dados e tecnologias – desenvolvidas para reduzir riscos ao mesmo tempo em que protegem os seus clientes, colaboradores e a sua marca.

Fonte: <http://www.lrqa.com.br/Certificacao/dna1-consumer-assurance/downloads/fraude-em-peixes-e-frutos-do-mar-ainda-e-uma-ameaca-para-a-cadeia-de-fornecimento.aspx>

Fraude em pescado ameaça a economia, a natureza e a saúde humana

novembro 03, 2015



Segundo o Ministério da Pesca e Aquicultura (MPA), a média de consumo de peixe por habitante no Brasil alcançou 14,5 Kg/ano em 2013. Os benefícios de comer frutos do mar pelo menos duas vezes por semana são divulgados de forma a encorajar a população de consumir mais pescado, e o consumo global continua crescendo. Entretanto, **as informações disponíveis nos rótulos e embalagens de frutos do mar são frequentemente poucas ou nulas quando se trata da origem do produto.** Além disso, a **informação disponível nas embalagens é amiúde ilusória ou fraudulenta.** Estudos mostram que, nos Estados Unidos, as informações da embalagem são fraudulentas de 25% a 70% das vezes quando se trata de produtos como salmão, cioba e bacalhau, que vem disfarçadas quando na verdade se trata de espécies de menor valor gastronômico, econômico ou natural. O índice médio de adulteração é de 33%. **A análise de DNA em pescado é uma ferramenta útil para detectar e quantificar essas fraudes.**

De todo o peixe importado, uma porcentagem muito baixa é inspecionada (GAO 2009). Além de **incentivar e cobrar melhor utilização dos mecanismos de rastreabilidade**, é necessário aumentar a frequência e abranger o escopo das inspeções para verificar a qualidade e origem do pescado. Para prevenir a fraude, é necessário permitir que os consumidores saibam de onde vem o produto e possuir ferramentas para rastrear suas origens até a parte do oceano de onde vem.

Testes de DNA em pescado vêm confirmando o quão comum é a fraude. Uma pesquisa recente encontrou rótulos com **informações falsas em mais de um terço dos peixes** (Jaquet and Pauly 2008), e outra pesquisa verificou que mais de um quarto dos peixes testados nos Estados Unidos e no Canadá não eram o que a embalagem declarava (Wong and Hanner 2008).

A fraude é mais comum em algumas espécies

Algumas espécies de peixes e outros frutos do mar costumam sofrer fraude com maior frequência. Alguns fatores que influenciam a fraude são:

- Preço do quilo
- Facilidade de acesso ou transporte
- Taxas de importação
- Pesca ilegal
- Sazonalidade

Alguns dos peixes e frutos do mar, que são mais fraudados são:

Salmão

Pode ser **substituído por truta salmonada**. Pode também ser fraudado quando é declarado salmão selvagem, quando na verdade é criado em cativeiro.

Bacalhau

Pode ser **substituído por polaca do Alasca, abrótea ou outras espécies de menor valor**. Uma vez filetados e salgados, a fraude é difícil de ser detectada e provada a olho nu.

Pargo

Essa espécie de carne muito saborosa vem do Golfo do México, mas é frequentemente substituída por outras espécies similares de outras localidades.

Atum

Existem várias espécies de atum. Nem sempre o tipo filetado é embalado e declarado corretamente.

Lula

Anéis de lula são vendidos já processados. Algumas espécies são mais caras do que outras, e a fraude pode ocorrer quando a espécie declarada é substituída por outra de menor valor sem que isso seja declarado no rótulo ou descontado no preço.

A OCEANA lançou recentemente um mapa que mostra os resultados de pesquisas que mensuraram a porcentagem de fraude em pescados ao redor do mundo. **No Brasil, os resultados indicam que em algumas regiões 75% a 100% dos produtos testados são fraudados.**

A fraude em pescados burla os esforços e leis que combatem a **pesca excessiva** e a captura de **espécies em risco de extinção**. Com a rotulagem errônea e substituição de espécies, negócios legítimos são economicamente prejudicados e consumidores são impedidos de fazer escolhas ecologicamente corretas.

FRAUDE EM PESCADOS E PESCA ILEGAL

Escondendo produtos ilegais através de transferências de mercadorias, documentação falsificada e relatórios incompletos dificultam o gerenciamento e fiscalização governamental.

Assim, **a fraude em pescados cria um mercado para a pesca ilegal**. Estima-se que **um quinto de produtos de pesca sejam provenientes de pesca ilegal**. Animais cuja pesca é proibida, como algumas espécies de golfinhos e tartarugas, são frequentemente mutilados e mortos por redes e linhas espalhadas ilegalmente pelo oceano.

COMO COMBATER A FRAUDE EM PESCADO

- **RASTREAMENTO**

A informação de peixes e frutos do mar deve ser rastreável em todos os estágios do processamento, do mar ao prato.

- **PREVENÇÃO DE ROTULAGEM ERRÔNEA E DISPONIBILIDADE DE INFORMAÇÃO AO CONSUMIDOR**

Rotulagem errônea contribui com ações fraudulentas, aumenta os riscos para a saúde, causa impacto ambiental e burla ações de preservação e contribui com a pesca ilegal. Os consumidores devem ser assegurados de que o peixe que estão comprando é seguro, legal e corretamente rotulado.

- **IMPEDIR A ENTRADA DE PESCA ILEGAL NO MERCADO**

Pesca ilegal prejudica não só os pescadores e as indústrias que estão dentro da lei, como também aumenta o risco para o consumidor final. Se um barco de pesca não está dentro das leis da pesca, é possível que esteja violando outros requerimentos, incluindo regulamentos de saúde e segurança alimentar.

- **IMPLEMENTAÇÃO DE LEIS**

Existem leis que oferecem as ferramentas necessárias para a fiscalização, mas elas devem ser melhor implementadas e executadas a longo prazo.

- **FISCALIZAÇÃO**

Existem órgãos de fiscalização e administração de produção e importação de pescados. Através de ferramentas como rastreabilidade e testes de DNA, é possível que a fiscalização seja mais rígida, prevenindo assim casos de fraude.

FRAUDE EM PESCADO E O RISCO PARA A SAÚDE HUMANA

Em alguns casos, frutos do mar podem ser um fator de risco para a saúde humana. Por serem geralmente muito sensíveis e exigir manuseio e refrigeração apropriados, podem causar doenças severas em caso de mau manuseio. Trocar uma espécie de peixe por outra que pode estar infestada de contaminantes, toxinas ou alergênicos pode deixar as pessoas doentes (GAO 2009).

Em surtos de contaminação por ovos ou outros produtos não marítimos, pode ocorrer o recolhimento preventivo de lotes de mercadorias. Como frutos do mar frequentemente não trazem informação de origem, esse recolhimento preventivo pode ser impossível, permitindo que a contaminação se alastre.

Um estudo da OCEANA revelou que, entre supermercados, restaurantes e restaurantes de sushi, **a maior parte da fraude em pescado ocorre proporcionalmente em restaurantes de sushi.**



Fonte: <http://foodsafety.myleus.com/fraude-em-pescado-2>

Atividade 8 - DNA identificando as espécies

TEMA: Identificando espécies, com uso de bancos de dados genéticos.

Número de aulas: 2

OBJETIVOS:

Geral:

Utilizar bancos de dados genéticos, para identificar sequências de bases de seres vivos.

Específicos:

Identificar espécies de seres vivos, através de sequências de bases em bancos de dados genéticos.

Entender o processo de identificação de seres vivos, por meio do DNA Barcoding.

Utilizar o banco de dados GenBank, para análise de sequências de bases e identificação de seres vivos.

CONTEÚDOS DE ENSINO: Bancos de dados genéticos, nomenclatura científica, taxonomia e filogenia dos seres vivos.

RECURSOS: textos e atividades de consulta a banco de dados genéticos

METODOLOGIA:

1ª aula: Os estudantes em duplas recebem do professor, o arquivo com as atividades para identificação de espécies, utilizando bancos de dados genéticos.

Atividade 1 para familiarização e utilização de banco dados genéticos (os estudantes deverão ter acesso a uma versão digital, pois terão que copiar e colar longas sequências nos bancos de dados genéticos)

Código de Barras de DNA: uma atividade para identificação de espécies

Objetivo: Essa atividade apresenta uma simulação de pesquisa através da qual você será um geneticista e tem como desafio identificar e caracterizar espécies.

Problema Proposto: O grupo de pesquisa, ao qual você pertence, recebeu de um museu cinco amostras para que sejam identificadas. Você decidiu utilizar a técnica de Código de Barras de DNA. Os procedimentos realizados em laboratório foram: extração de DNA, amplificação do gene COI pela técnica

De PCR e leitura em sequenciador automático. Agora, de posse das sequências de cada espécime, você irá identificá-las no site *Barcode of Life Data Systems*

Siga os passos:

1. Acesse o **BOLD** (Barcode of Life Data Systems): <http://www.boldsystems.org/>
2. Selecione a opção **Identification** no menu da página inicial do BOLD.
3. Será aberta uma nova janela. No menu **Search Databases**, selecionar a opção **Species Level Barcode Records**.
4. Copie e cole no espaço **Enter sequences in fasta format** sequência que esta dentro do retângulo. Depois de colar ,clique em **Submit**.
5. Após algum tempo de processamento, aparecerá o resultado da busca (**Search Result**). Caso a sequência inserida seja encontrada no banco de dados, surgirá um ou mais nomes científicos, que são a identificação da amostra. Clique sobre esses nomes para saber mais sobre a espécie.
6. Repetir o procedimento desde o item 3 com cada sequência a seguir, separadamente:

Sequência 1

```
CCTATATCTAATCTTCGGAGCATGAGCTGGCATAGTTGGAACCGCCCTCAGCCTCCTCATCCGCG
CAGAACTTGGACAACCTGGGACTCTACTAGGAGATGATCAAATTTATAATGTAATCGTCACTGC
CCATGCCTTCGTAATAATTTCTTTATAGTAATACCAATCATGATCGGTGGTTTTCGGAAATTGAC
TAGTCCCCTCATAATCGGCGCCCCGACATAGCATTCCCCGTATAAACATAAGCTTCTGA
CTACTTCCCCCATCATTTCTTTACTTTTAGCATCTTCCACAGTAGAAGCTGGGGCCGGAACAGG
```


GTGAACAGTTTATCCCCCCTCGCTGGTAACCTAGCCCATGCCGGTGCCTCAGTAGACCTAGCCA
 TCTTCTCCCTTCACTTAGCAGGTATTTCTCTATCCTAGGTGCTATCAACTTCATTACAACCGCCA
 TCAACATAAAACCCCCAGCCCTATCCCAATACCAAACCCCACTATTCGTATGATCAGTACTTATC
 ACTGCCGTCCTTCTCTACTCTCTCTCCCAGTCCTCGCTGCCGGCATTACTATACTACTAACAGAC
 CGAAACTTAAATACTACATTCTTTGATCCAGCTGGAGGAGGAGACCCAATCCTGTACCAACACC
 TCTTCTGATTTTTTCGGTCATCCAGAAGTCTATATCCTCATTCTA

Sequência 2

ACTCTTTACCTTCTATTTGGTGCCTGAGCCGGTATGGTAGGAACTGCTCTTAGTCTCCTAATCCGG
 GCCGAACTAGGTCAACCTGGCACACTACTAGGAGATGATCAAATTTATAATGTGGTTCGTTACTG
 CCCATGCTTTTTGTGATGATTTTTCTTCATAGTAATACCTATTATGATTGGAGGGTTTGGTAACTGAT
 TGGTCCCATTAAATAATTGGAGCCCCTGACATAGCATTCCCCCGAATGAATAACATGAGCTTCTGA
 CTCTTCCCTCCATCTTTTTTACTTCTACTTGCTTCATCTATGGTGGAGGCCGGAGCAGGGACTGGA
 TGAACAGTATATCCACCCTTAGCCGGTAATCTGGCTCATGCCGGGAGCATCCGTAGATCTAACCAT
 TTTCTCACTCCACCTAGCAGGTGTCTCTTCGATCTTGGGTGCTATTAATTTTATCACCCTATTAT
 TAATATAAAACCTCCTGCCATATCTCAATACCAAACACCCCTTTTTGTATGATCAGTTTTAATCA
 CTGCAGTCCTATTACTCCTATCACTCCCAGTCCTAGCAGCAGGAATTACTATGCTATTAACAGAT
 CGAAACCTAAATACCACATTCTTTGATCCTGCCGGAGGAGGAGATCCTATCTTATAACCAACTT
 ATTC

Sequência 3

TCCACCAACCATAAAGACATCGGCACCCTATACCTAATCTTCGGGGCATGAGCAGGAATAGTAG
 GCACAGCACTCAGCCTATTAATCCGCGCAGAACTAAGCCAACCAGGTACTCTTCTAGGAGATGA
 CCAAATTTACAACGTTATCGTACAGCCCACGCTTTCATCATAATCTTCTTTATAGTTATACCAAT
 CATAATCGGTGGCTTCGGAAACTGACTTGTTCCATTAATAATTGGAGCACCAGATATAGCATTCC
 CACGTATAAAACAACATAAGCTTTTGACTCTTACCTCCTTCATTATTACTACTTCTAGCATCATCAG
 GAATTGAAGCAGGCGCAGGCACAGGCTGAACAGTGTACCCCCATTAGCTGGAAACCTAGCCCA
 CGCCGGTGCTTCTGTAGATCTAACCATCTTCTCACTCCACCTAGCTGGTGTGTCTTCAATTTTAGG
 TGCTATCAACTTCATTACCACAGCAATCAACATAAAATCCCCTGCCATATCACAATACCAAACAC
 CCTATTTCGTATGATCCGTAATAATTACAGCTGTCCTATTACTACTTTCTCTACCAGTACTCGCTG
 CAGGTATTACCATACTACTCACAGACCGAAATCTAAATACAACCTTCTTTGATCCTTCAGGAGGA
 GGAGATCCAATCCTATATCAACACCTATTCTGATTCTTTGGACACCCTGAAGTATACATCCTAAT
 CCTCCCAGGATTTGGCATAATCTCCACATTGTCACCTATTATGCCGGCAAAAAAGAACCATTG
 GCTACATAGGAATAGTTTGAGCAATAATATCCAT

Sequência 4

GGTGCTAGTTGACGGTATAGTAGGAACAGCTCTAAGCCTTCTAATTCGCGCTGAATTAGGCCAA
 CCCGAACTCTGCTCGGAGACGACCAAATCTACAACGTAGTTGTAACCGCACACGCATTTGTAA
 TAATCTTCTTCATAGTAATACCAATCATAATTGGAGGATTCGGTAACTGACTTGTCCCCTAATA
 ATGGTGCTCCCGATATAGCATTTCCCCGAATAAATAATATAAGCTTCTGACTCCTCCCTCCCTC
 ATTCCTACTACTCCTCGCATCCTCTATAGTTGAAGCTGGGGCAGGAACAGGCTGAACCGTGTACC
 CTCCCTTAGCAGGCAACCTAGCCATGCAGGAGCTTCAGTAGATCTAACCATTTTCTCTTTACAC
 TTAGCAGGAGTTTCTCAATTTTAGGAGCCATCAACTTCATTACAACAATTATCAACATAAAGCC
 CCCCAGCAATGTCACAATACCAAACCCCTCTGTTTCGTATGATCCGTAATAATTACCGCCGTACTAC
 TACTACTCTCGCTCCCTGTATTAGCAGCCGGCATACAATGCTATTAACAGACCGGAACCTAAAT
 ACAACCTTCTTCGACCCGGCAGGAGGAGACCCTATTCTATATCAACACTTATTCTGATTTTT
 TGGTCACCCGAAAGTTTAGGCCCGCCCCCTGCGCGCCTGCCTCTGCGTGAGGGCACTGCCATGCC
 CCCCCTTCGGACTGAAGAATAAAAACAAAATCCGCGCTGCTTTGCTTGCTATTTTGGTTGGCCC
 CCCGATAGAGAGAGAGAGGAAGGAGAAGATAGTTGTCGGGCTGG

Sequência 5

ATGAATTTTTCTACAAATCATAAAGATATTGGAACATTATATTTTTATTTTTGGTATCTGAGCAG
 GAATAGTAGGAACATCTCTTAGTTTATTAATTCGTAAGTACTGAACTAGGAAATCCTGGATCATTAAAT
 GGTGATGATCAAATTTATAATACTATTGTTACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTATAGTT
 ATACCAATTATAATTGGAGGTTTCGGAAATTGATTAGTTCATTAATATTAGGAGCTCCTGATAT
 AGCATTTCCTCGAATAAACAATATAAGATTTTGATTATTACCCCATCTTAATTTTATTAATTTT
 TAGAAGAATTGTAGAAAATGGAGCAGGAACAGGATGAACAGTGTACCCCTCTGTCATCTAAT
 ATTGCTCATGGAGGATCTTCTGTAGATTTAGCCATTTTTTCTTTACATTTAGCTGGAATTTTATCA
 ATTTTAGGAGCAATTAATTTTATTACTACTATTATTAACATACGAATTAATAATAAAAATTTGA
 TCAAATACCTTTATTTGTATGAGCAGTAGGTATTACAGCACTTTTATTATTGCTTTCATTACCTGT
 ACTTGCAGGTGCAATTACTATACTTTTAACTGATCGTAATATAATACATCATTTTTTTGACCCAGC
 AGGAGGTGGTATCCTATTCTTTATCAACATTTATTTTGATTTTTTTGGACATCCTGAAGTTTATAT
 TTTAATTTTACCAGGATTTGGTATAATTTCCCATATTATTCCCAAGAAAGAGGAAAAAAGGAAA
 CATTGGTTCTTTAGGAATAATTTATGCTATAATAGCAATTGGTTTATTAGGATTTATTGTTTGAG
 CTCATCATATATTTACTGTAGGAATAGATATTGATACACGAGCATATTTTACTTCAGCAACAATA
 ATTATTGCCGTACCAACAGGTATTAATAATTTTATGTTGATTAGCAACATTACATGGAACCTCAAAT
 TAATTATAGTCCATCAATATTATGAAGATTAGGATTTATTTTTTTATTTACTGTTGGAGGTTAAC
 AGGTGTTGTATTAGCTAATTCATCAATTGATATTACTCTCCATGATACATATTATGTTGTTGCTCA
 TTTTCATTATGTTTTATCTATAGGAGCAGTATTTGCTATTTTAGGAGGATTTGTTTATTGATACCC
 CTTATTTACAGGTCTAACATTAATAAATTATTTATTAATAAATTCATTTTTTATCAATATTTATTGG
 AGTTAATTTAACATTTTTTTCCACAACATTTTTTAGGTTTAGCAGGTATACCTCGACGATACTCAG
 ATTATCCCGATATTTTTTTATCTTGAAATATTATTTCTTCTTTTGGTTCTTATATTTCTTTTTTTCC
 ATAATTATAATTATTATTATCATTTGAGAATCTATAATTAATCAACGTATTATTTTATTTTCATTA
 AATATACCTTCTTCTATTGAATGATATCAAATACTCCTCCCGCAGATCATTC

Questões para discussão

A. Qual (is) espécie (s) corresponde(m) a cada sequência analisada? Caracterize cada amostra de acordo com as informações disponíveis no site BOLD (Gênero, Espécie, Família, Descrição do Táxon, Local de Ocorrência/Coleta).

B. Por que foram utilizadas sequências do gene COI para a identificação das espécies abordadas na atividade?

C. A técnica de Código de Barras permite a identificação molecular de espécies a partir de uma pequena amostra de DNA. Com base na atividade e em seus conhecimentos da técnica, como essa técnica poderia ser usada para estudar a biodiversidade.

Fonte: Revista Genética na Escola | Vol. 10 | Nº 1 | 2015

Atividade 2 para familiarização e utilização de banco de dados genéticos (os estudantes terão que ter acesso a uma versão digital, pois terão que copiar e colar longas sequências nos bancos de dados genéticos)

Análise de Sequência de DNA de dinossauros “ Jurassic Park” (adaptado)

Introdução

Em 1990, Micheal Crichton publicou o livro "Jurassic Park" sobre a ressurreição dos dinossauros usando o sangue dos estômagos de insetos que haviam sido envoltos em seiva de árvores, posteriormente transformado em mineral, âmbar.

Em um ponto do livro, o Dr. Henry Wu é solicitado a explicar algumas das técnicas de DNA usadas na reconstrução dos genomas extintos dos dinossauros. O Dr. Wu descreve o uso de enzimas de restrição e como as partes fragmentadas do DNA de dinossauro podem ser unidas com estas enzimas. Ele também alude ao fato de que eles não têm o genoma inteiro, mas que eles "preenchem as lacunas" com o DNA dos sapos modernos.

Em um ponto durante sua discussão, ele aponta para uma tela de computador e observa "Aqui você vê a estrutura real de um pequeno fragmento de DNA de dinossauro".

Conjunto de dados

DNA de dinossauro do livro “ Jurassic Park”

```
gcgttgctggcgttttccataggtccgccccctgacgagcatcacaanaatcgacgcggtggcgaaacccgacaggactata
aagataccaggcgtttcccctggaagctccctcgtgttccgaccctgccgcttaccggatacctgtccgcctttctcccttcgggaa
gcgtggctgctcacgctgtaggtatctcagttcgggtgtaggtcgttcgctccaagctgggctgtgtgccgttcagcccgaccgctgc
gccttatccgtaactatcgtcttgagtccaacccggtaaagtaggacaggtgccggcagcgtcttgggtcattttcggcgaggac
cgcttcgctggagatcggcctgtcgttgcggtattcggaaatctgcacgcctcgtcaagccttcgtcactcaaacgtttcggc
gagaagcaggccattatcgccggcatggcggccgacgcgctgggctggcgttcgacgcgaggctggatggccttcccatta
tgattcttctcgttccggcggcccgcgttgaggcatgctgtccaggcaggtagatgacgacctcagggacagcttcaacggc
tcttaccagcctaactcgatcactggaccgctgatcgtcacggcgatttatgccgcaagtcagaggtggcgaaacccgacaagga
ctataagataccaggcgtttcccctggaagcgtctcctgttccgaccctgccgcttaccggatacctgtccgcctttctcccttcgg
gctttctcattgctcacgctgtaggtatctcagttcgggtgtaggtcgttcgctccaagctgacgaacccccgttcagcccgaccgct
gcgccttatccgtaactatcgtcttgagtccaacacgacttaacgggttggcatggattgtaggcgccgcctataccttctgtgcct
ccccgcggtgcatggagccgggcccacctcgacctgaatggaagccggcggcacctcgtaacggccaagaattggagccaatc
```

aattcttgcggagaactgtgaatgcgcaaaccaacccttggccatcgcgctccgccatctccagcagccgcacgcggcgcatctcg
 ggcagcggttgggtcctgcatgatcgtgctagcctgtcgttgaggaccggctaggctggcgggggtgccttactatgaatcacc
 gatacgcgagcgaacgtgaagcgactgctgctgcaaaacgtctgcgacctatgaatggcttccggttccgtgttcgtaaagtctgg
 aaacgcggaagtcagcgcctg

Em 1992, um jovem cientista, Dr. Mark Boguski, no Centro Nacional de Informações sobre Biotecnologia, NCBI, tendo lido o livro "Jurassic Park", entrou nesta sequência em um editor de texto e procurou todas as sequências de DNA conhecidas na época. Esta coleção de sequências compõe um banco de dados chamado GenBank. Mark escreveu suas descobertas e enviou um manuscrito para a revista BioTechniques, como uma piada irônica. Seu manuscrito foi aceito e publicado. (Boguski, M.S. A Molecular Biologist Visits a Jurassic Park. (1992) BioTechniques 12 (5): 668-669).

Qualquer pessoa que lesse "Jurassic Park" que tivesse acesso a um navegador da Web poderia ter realizado esse experimento de bioinformática pura e submetido um artigo para publicação. Você irá reproduzir a experiência de Mark usando select ,copy e paste para enviar esta sequência para comparação com o banco de dados GeneBank, assim como Mark fez em 1992.

Exercício 1

Selecione, copie e cole a sequência mostrada acima no formulário da web localizado com o nome: **Nucleotide-Nucleotide BLAST Search**. A pesquisa será aberta em uma nova janela para que você possa consultar essas instruções.

Familiarize-se com os resultados seguindo os vários links para os alinhamentos e entradas do banco de dados do **GenBank** . Siga os links são o mais longe possível ou na medida em que parece razoável.

Repita a pesquisa usando apenas partes da sequência acima. Depois de colar, insira aleatoriamente A, C, G, T na sequência, estrague um pouco. Como isso afeta os resultados? De seus resultados, você realmente acredita no que o Dr. Wu está reivindicando? Será que o Michael Crichton acabou de digitar aleatoriamente letras A, C, G, T ou você acha que ele sabia sobre o GenBank e emprestou algum DNA?

Análise do Dino-DNA "The Lost World"

O artigo publicado de Mark foi levado à atenção de Michael Crichton. Em seu segundo livro, "The Lost World", Crichton usou Mark como consultor. Mark escolheu uma sequência de DNA de um organismo vivo que está muito mais relacionada com os dinossauros.

Mark também misturou em alguns sapos *Xenopus*, DNA, assim como o Dr. Wu descreveu para preencher os buracos em seus genomas de dinossauro.

Aqui está a sequência que Mark deu a Michael Crichton para o livro "O Mundo Perdido":

DNA de dinossauro do livro "O mundo Perdido"

```

gaattccggaagcgagcaagagataagtcctggcatcagatacagttggagataaggacggacgtgtggcagctcccgcagag
gattcactggaagtgcattacatcccagggagccatggagttcgtggcgctgggggggcccggatgcccggctccccactccg
ttccctgatgaagccggagccttctggggctggggggggcgagaggacggaggcgggggggctgctggcctcctacccc
cctcaggccgctgtccttggcgctgggcagacacgggtactttggggacccccagtggtgcccggccaccacaaatg
gagccccccactacctggagctgctgcaacccccggggcagccccccatccctcctccgggcccctactgccactcagc
agcgggccccaccctgcgaggcccgtgagtgctgcatggccaggaagaactgcggagcgacggcaacgccgctgtggcgc
cgggacggcaccgggcattacctgtcaactgggcctcagcctgcgggctctaccaccgctcaacggccagaaccgcccgt
catccgccccaaaaagcgctgcgggtgagtaagcgcgcagggcacagtgctgagccacgagcgtgaaaactgccagatcca
ccaccactctgtggcgtcgcagccccatgggggaccccgtctgcaacaacattcacgcctgcggccttactacaaactgcacca
agtgaaccgccccctcacgatgcgcaaagacggaatccaaaccgaaaccgcaaagtctccaagggtaaaaagcggcgcc
ccccgggggggggaaaccctccgccaccgcccgggagggggcgctcctatgggggggaggggggggaccctctatgcccccc
cgccgcccccccgccgcccggccccctcaaagcgacgctctgtacgctcctggccccgtggtcctttcgggcccattttgccc
tttgaaactccggagggtttttggggggggggcggggggttacacggccccccggggctgagcccgcagatttaataataa
ctctgacgtgggcaagtggccttctgagaagacagtgtaacataataattgcacctcggcaattgcagagggtcgtatccact
ttggacacaacagggtactcggtaggaccagataagcactttgctccctggactgaaaaagaaaggatttatctgtttgcttctgct
gacaaatccctgtgaaaggtaaaagtcggacacagcaatcgattatttctgcctgtgtgaaattactgtgaatattgaaatataat
atataatataatctgtatagaacagcctcggaggcggcatggaccagcgtagatcatgctggattgtactgccggaattc

```

Exercício 2

Selecione, copie e cole a sequência "Mundo Perdida" mostrada acima no formulário da Web chamado: **Nucleotide-Nucleotide BLAST Search**.

Em seus resultados, siga o link para a entrada do **GenBank**, este link está ao longo da esquerda. Nessa página, localize a palavra-chave **ORGANISM** e clique no link **species**. Isto trará a categoria de espécies deste organismo. Algum dos termos parece implicar uma relação com os dinossauros? Clique ali para ver outros descendentes dos dinossauros. Que organismo Mark escolheu como sendo seu dinossauro vivo? Qual é o nome comum?

Adaptado do site: http://www.inf.fu-berlin.de/lehre/WS05/aldabi/aufgabe5_12.html

Protocolo com outras questões para analisar

- 1 Proponha uma forma de analisar as sequências de DNA para confirmar se realmente são de origem de um dinossauro extinto?
- 2 Estas são mesmo sequências de dinossauro?
 - 2.1 Se são sequências de dinossauro, qual é a espécie?
 - 2.2 Se não são sequências de dinossauro, de onde as sequências se originaram?
 - 2.2.1 Alguma destas sequências se aproxima mais da sequência de um dinossauro?
 - 2.3 Sendo ou não sequências de dinossauro, estas são sequências de algum gene?
 - 2.3.1 Se sim, qual é este gene?
 - 2.3.2 Este gene codifica para uma proteína? Qual?
 - 2.4 Para a sequência "Jurassic Park Dino DNA from the book Jurassic Park", compare seus resultados com aqueles obtidos por Boguski (1992).

Fonte: UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ. Setor de Ciências Biológicas Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular. Curso ReLab- Genômica e biologia molecular

Atividade 3 para familiarização e utilização de banco de dados genéticos (os estudantes terão que ter acesso a uma versão digital, pois terão que copiar e colar longas sequências nos bancos de dados genéticos).

Identificação de insetos

Atividade: **Identificação de Insetos**

Objetivo:

· Utilizar o sistema "Barcode of Life Database" (BOLD) para identificação de amostras de DNA.

Estratégia:

Os estudantes serão apresentados ao sistema "Barcode of Life Data" (BOLD), que é um recurso para a comunidade de códigos de barras DNA. O Sistema BOLD é uma ferramenta on-line que pesquisadores em todo o mundo podem usar para coletar, gerenciar e analisar códigos de barras de DNA. Os estudantes se familiarizarão com o sistema, para determinar a identificação de certas amostras de sequências de DNA.

Conhecimentos prévios:

- Familiaridade com o código de barras do DNA.
- Conhecimento básico do sistema de classificação de Lineu de classes anteriores.
- Capacidade de usar a Internet para pesquisa (pois os alunos precisarão combinar o nome científico com o nome comum).
- Familiaridade com a nomenclatura binomial (nome de duas partes da espécie, também conhecido como latim).

Tempo sugerido:

- 45 minutos (30 minutos para pesquisa na internet, 15 minutos para discussão).
- A atividade com a Internet pode ser feita como uma tarefa de casa.

Materiais:

- 1 cópia por estudante da Tabela de identificação de insetos
- Os estudantes deverão ter acesso à internet para completar a atividade

Instruções:

- Os alunos podem concluir esta atividade sozinhos ou em pares e eles vão precisar de acesso à internet.
- Os alunos terão que ir para <http://www.boldsystems.org/> onde eles usarão o equipamento de identificação para esta atividade.

Uma vez na página, eles terão que clicar em Identificação na barra de menu no topo da página. Eles devem ver uma página que tenha uma guia Identificação de Animal (COI) selecionada e um chip de Registro de Código de Barras no Nível da Espécie selecionado.

- Usando uma cópia digital da **Identificação de Insetos**, os estudantes copiarão e colarão a primeira sequência de DNA da tabela na caixa da página em que estão gravados. Digite sequências no formato Fasta e clique em enviar na parte inferior do lado direito da tela.
- Os resultados da pesquisa serão mostrados no o lado direito e irá informá-los do tipo de o animal na amostra. A página também fornecerá um link para a página de espécies que contém mais informações, que uma imagem e um mapa mostrando onde os indivíduos destas espécies foram encontradas.

Tabela de Identificação de insetos

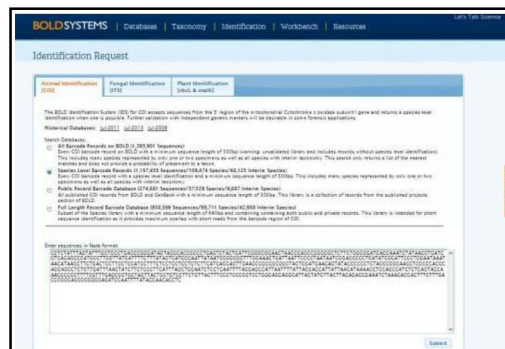
(Esta atividade deve ser disponibilizada na versão digital, aos estudantes)

Um parasita é uma planta de pragas ou aos seres humanos ou preocupação como para a agricultura ou pecuária. Muitas vezes, os animais são considerados pragas porque eles causam danos para a agricultura na alimentação de culturas ou parasitas de animais. Usando o método abaixo e o DNA da amostra das espécies nas páginas a seguir, você irá determinar se algumas das espécies coletadas são atualmente considerados prejudiciais para o Canadá.

1. Ir a <http://www.boldsystems.org>



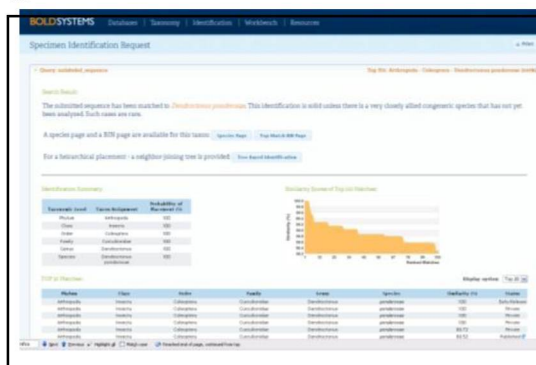
2. Clique : Identificação na barra de menu no topo da página. Verifique se a página que parece ser a guia Identificação Animal (COI) e o chip selecionado é Espécies Nível de código de barras Records.



3. Copie e cole a sequência de DNA da tabela das páginas seguintes, na caixa na página web e clique em enviar no lado inferior direito da tela.

FASTA é um formato baseado em texto para representar as sequências de nucleotídeos. Esses são representados por meio de um código de quatro letras diferentes (A, C, T e G).

4. Os resultados da pesquisa, serão mostrados à direita e irão informá-lo sobre o tipo e espécie do animal na amostra.



5. A página também irá fornecer um link para uma página sobre as espécies com mais informações, como uma imagem e um mapa mostrando onde foram encontrados indivíduos desta espécie.

6. Voltar para a página anterior ou clique em Login na barra de menu superior para introduzir a sequência de DNA seguinte.

7. Complete o resto da tabela. Você vai precisar de usar a internet para determinar o nome comum da espécie encontrados na BOLD e se eles são de origem canadense.

Scientific Name and Authority	English Common Name	Pest Type	Restriction
<i>Actinotia actinota</i> L.	great reed sparrow	Mollusc	0-00-07
<i>Actinotia actinota</i> L.	great reed sparrow	Mollusc	0-00-07
<i>Actinotia actinota</i> L.	great reed sparrow	Insect	0-00-00
<i>Actinotia actinota</i> L.	great reed sparrow	Insect	0-00-00
<i>Actinotia actinota</i> L.	great reed sparrow	Insect	0-00-00, 0-00-00, 0-00-00
<i>Actinotia actinota</i> L.	great reed sparrow	Insect	0-00-00, 0-00-00
<i>Actinotia actinota</i> L.	great reed sparrow	Insect	0-00-00
<i>Actinotia actinota</i> L.	great reed sparrow	Insect	0-00-00, 0-00-00

Tabela de Identificação de insetos

nome / amostra	Sequência do DNA (sequência de pares de bases do COI)	Nome científico	Nome comum de este animal	É ma espécie nativa? S / N	Espécie nociva S / N
1	AATAATATATTTTATTTTGGCCATATGATCAGGAATAATTGGA TCATCTATAAGATTATTAATTCGAATAGACTTAGACATCCTG GAATATGAATTAATAATGATCAAATTTATAATTCCTTAGTAA CAAGTCATGCATTTAATAATTTTTTTATAGTTATACCATTT ATAAATGGAGGATTTGGAAATTACCTAATTCCTTTAATATTA GGATCTCCTGATATAGCTTTTCCACGAATAAATAATATTAGA TTTTGATTACTTCCACCATCTCTTCTAATACTTCTTCTAAGAA ATTTATTTACTCCAAACGTTGGAACCTGGATGAAGTGTATACC TCCTTTATCATCATATTTATTTTCATTCATCACCTTCTGTGATA TTGCAATTTTTTCATTACATATAACCGGAATTTCTTCAATTAT TGGATCTTTAAATTTTATTGTAACCTATTATTAATAAAAAAT TTTTCATTAATTTATGATCAAATTAACCTATTTTCTTGGTCAG TTTGTATTACAGTAATATTATTAATTTTATCTTTACCAGTTTTA GCAGGAGCAATTACTATACTCCTTTTTGATCGAAATTTAATA CATCTTTCTTTGATCCAATAGGAGGAGGATCCTATTCTTTA TCAACACTTATT				
2	ATTTATCGCTTATTATCGGCCACTTTATCGAATAAATGATTATT TTCTTCTAATCATAAAAGATATTGGAACATTATATTTCTTATTCG GAATATGAGCCGGAATAATTGGGACCTCTTTAAGAATTTTAAT TCGCTTGAATTAGGAACTACTAATAGATTAATTGGAAATGAC CAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCCTTCATTATAAT TTTTTTTATAGTTATACCGATTATAAATTGGAGGATTTGGAAAT GACTGTTCCCTTTAATAATTGGAGCACCTGATATAGCTTCCCT CGATTAATAATAATAAGATTTTACTACTCCCACCTGCCTTAAC CTTACTTATTATTAGAAGATTAGTGGAAATAGGTGCAGGAACT GGATGAACTGCTATCCTCCTTATCCTCTAACTTAGCTCATAAT GGGCCCTCAGTAGATTTAGTAATTTTTAGTTTACACTTAGCAGG TATCTCATCTATTTTAGGAGCCGTAATTTTATTTCACTATT ATAAATATACGACCATTGGCATAAA				
3	CACACTCTACTTTATTTTGGGGCCTGATCAGGAATAGTAGGAA CAGCCCTTAGACTACTAATTCGAGCAGAATTAGGAAATCCAGG AGCATTAATTGGCAATGACCAAATCTATAATGTTATTGTTACTG CTCATGCTTTTATTATAATTTCTTCATGGTTATACCTATTATAA TAGGGGGATTGGAAACTGATTGGTTCCTTTAATGTTAGGGGC ACCTGATATAGCTTTCCCCCGAATAAATAATATAAGATTCTGGC TACTCCCTCCCTCTTTAACATTACTTTAATAAGAAGAATAGTC GAAAGAGGAGCAGGACTGGTTGGACAGTATATCCACCATTAG CGGCTAATATTGCCCATAGAGGGGGCTCTGTTGACTTAGCAAT TTTTAGACTTCATTTAGCTGGAATCTCCTCAATTCTAGGGGCAA TTAATTTTATTACAACAGTAATTAATATGCGAGCAATAGGAAT AACCTTAGACCAAACACCTCTACTAGTCTGATCTATTGCTATTA CAGCCCTTCTTCTTTTATCCTTACCTGTTCTTGGGGGAGCAA TTACCATACTTTTAAACAGATCGAAACTTAAATACATCATTCTTT GACCCGGCTGGAGGAGGAGACCTATTCTTTATCAACATCT CTTT				

nome / amostra	Sequência do DNA (sequência de pares de bases do COI)	Nome científico	Nome comum de este animal	É uma espécie nativa? S / N	Espécie nociva ? S / N
4	ATTCTATAATTTTATCTTTGCTATTTGATCAGGAATAATTGGCT CCTCTATAAGAATAATCATTGACTAGAGTTAGGATCTCCTG ATTCATTAATTCCTAATGATCAAACTTTAATACCATCGTTAC AAGTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTTATACCTTTTA TAATCGGAGGATTTGGTAATTTCTAATCCATTATACTAGGA TCTCCTGATATGGCTTACCCCGTTTAAATAATATAAGATTTT GATTACTTCCCCATCGATCTCCTTGTAAATCTTAAGAAATTT TATAATGAAGGATCTGGAAGTGGTTGAACTATCTACCCCC TCTATCATCAAATACCTTTCATAGTGGCCCTCCATTGACCTA ACTATCTTTTCTCTCCATATTGCCGGTATATCCTCAATTATAG GAGCAATCAATTTTATTCAACAATTATAAATATACATAATTC CAATATTTCTTAGATAAAAATCCCCTTGTAGTATGATCCATC CTTATTACAGCTATTCCTTCTTCTGTCCTACCTGTTCTAGC AGGA				
5	TACTTTATATTTTATTTTGAATTTGAGCAGGAATAGTTGGGA CATCTTTAAGTCTTTTAAATTCGAACAGAAATTAGGAACTCCTGGA TCTTTAATTTGGTGATGATCAAATTTATAAATACTATTGTTACAGC TCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTTATACCAATTATAAT TGGAGGATTTGGTAATTGATTAGTACCTCTAATATTAGGAGCTC CTGATATAGCTTTCCCGAATAAATAATATAAGATTTTGACTT TTACCCCATCATTAATTTTATTAAATTCGAAGAAGAAATCGTAGA AAATGGTGCAGGAACAGGATGAACAGTTTACCCCCACTTTCA TCAAATATTGCTCATAGAGGATCTCTGTAGATCTAGCTATTTT TTCTTTACATTTAGCTGGAATTCATCTATTTTAGGAGCTATTA ATTTTATTACTACAATCTTAAATATACGAATTAATAATATAACA TTTGATCAAATACCTTTATTTGTTGAGCAGTAGGTATTACAGC TCTTCTTTTATTACTTTTCTTTACCAGTTTTAGCAGGAGCAATTAC TATACTCTTACTGATCGAAATTTAAATACTTCTTTTTTTGATCC TGCTGGTGGAGGAGACCCTATTTTATATCAACATTTATTT				
6	ACATTATAATTTATTTTGAATTTGAGCTGGAATAGTAGGAAC ATCCTAAGAATTATTATTCGAATGGAATTAAGAGGCATTAAT AATTTTATTTGGTAATGATCAAATTTATAATGTAATCGTAACTGC TCATGCAATTTATTATAATTTTTTTTATAGTTATGCCTATTTTAAAT TGGTGGATTTGGTAACTGATTAATTCCTATCATATTAGGAGCAC CAGATATAGCATTCCACGAATAAATAATTTAAGATTTTGATTT TTGCCCTTCTCTTATATTATTATAATTAGAAGATTAGTTGA AATAGGAACCGGAACAGGATGAACAGTATATCCTCCTTGTCT TCATCAATTTGCCATACTGGCTCTTCTGTTGATTTTCAATTTT TCATTACATATTGCTGGTATTCTTCTATTTTAGGAGCTATTAAT TTTATTCAACAATATTTAAATATAAAAAATTAATTTATTAAAT TGATCAAATCTCACTTTTACATGATCTGTTTAAATTAAGTCTGT ACTTCTTTTATCTTTACCAGTCTTGTGGAGCTATTACAA TATTATTAAGTAT				

Nome a amostra	Sequência do DNA (sequência de pares de bases do COI)	Nome científico	Nome comum de este animal	É uma espécie nativa? S/ N	Espécie nociva? S/ N
7	AACATTATATTTATTTTTGGAATTTGAGCAGGAATAGTAGG AACTTCATTAAGATTACTAATTCGAGCAGAATTAGGAACCCC CGGATCTTTAATTGGAGATGATCAAATTTATAATACAATTGT AACAGCTCATGCATTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCT ATTATAATTGGAGGATTTGGTAATTGATTAGTTCCTTTAATAT TAGGAGCTCCTGATATAGCATTCCCACGTATAAATAATATAA GATTTTGACTTTTACCCCTTCTTAAACATTATTAATTTCTAGA AGTATTGTTGAAAATGGAGCTGGAAGTGGATGAACAGTTTAC CCACCTTTATCATCTAATATGCTCATAGAGGCAGATCTGTAG ATTTAGCTATTTTTCTCTTCATTTAGCTGGAATTTTCATCAATT ATAGGAGCAGTTAATTTTATTACAACAATTATTAATATACGA ATTAACAGCTTATCTTTTGATCAAATACCATTATTGTTGAG CTGTTGGAATTACAGCATTTTTATTACTTTTATCTTTACCTGTA TTAGCAGGAGCTATTACTATACTATTAAGTATCGAAATTTA AATACATCATTTTTTGACCCAGCTGGAGGAGGAGATCCTAT TTTATATCAACATTTATTT				
8	ACATTATATTTATTTTTGGTTTATGATCAGGACTAATTGGAAC ATCTTTAAGATTAATTATTCGAGCTGAATTAGGAAATCCAGGA TCATTAATTGGAGATGATCAAATCTATAAATACTATTGTTACAGC TCATGCTTTTATCATAATTTTTTTTATAGTTATACCTATTATAAT TGGAGGATTTGGAATTTGATTAGTACCTTTAATGCTTGGAGCTC CTGATATAGCTTTCCCCGAATAAATAATATAAGATTCTGACTA TTACCCCATCTTTAACTTTATTAATTTCTAGAAGTATTGTAGA AAATGGAGCAGGAACAGGTTGAACAGTATACCCTCCATTATCA TCTAATATTGCCATAGAGGAAGATCAGTAGATTTAGCTATTTT TTCCCTTCATTTAGCTGGAATTTTCATCTATCTTAGGAGCAATTA ATTTTATTACAACAATTATTAATATACGATCTAATGGAATATCT TTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGGAGCTGTAGGTATTACTGC TTTATTACTTTTATCTTTACCTGTTTTAGCAGGTGCTATT ACTATAATTAACTGATCGAAATTTAAATACATCCTTTT TTGAT				
9	TACTTTATATTTATTTTTGGAGCTTGGTCAGGAATAGTAGGA ACATCACTAAGACTTATTATTCGCACAGAAGTATCCCA GGAAGTTTAATTGGAGATGATCAAATTTATAACTATTGTA ACTGCCACGCATTTATTATAATTTTTTTTATAGTTATACCAA TTATAAATGGGGGATTCGGAAGTGAATTAATTCCTTTAATGTT AGGAGCACCTGATATAGCCTTTCCACGATTAATAAATAAATAAG ATTCTGATTATTACCTCCTTCATTAACATTTTTGCTTCTTAGAA GAATTATTGATAAAGGGGCAGGAAGTGGATGAACAGTATATC CTCCTTTAGCTTCTAATATTTCCCATGAAGGATCCTCAGTTGA CTGTGCTATTTTCAGGCTTCATATAGCAGGAGTATCCTCTATC CTTGGAGCTATTAATTTTATTCTACAATTATAAATAATAGCCC CTTCAGGAATAAAATTAGATCGTTTAAACGTTATTTACATGAGC AGTAAAAATTACAGCTATCTTATTATTGTTATCATTACCAGTA TTAGCTGGAGCCATCACTATACTTTTAAACAGACCGAAATATC AATACTACTTTTTTTGACCCCTCCGGTGGAGGAGATCCTAT TCTCTATCAACACTTATTT				

Fonte: <http://malaiseprogram.com/discover/dna-barcoding/&prev=search> (adaptado)

APÊNDICE 2

MANUAL DE INSTRUÇÕES DO JOGO

Detetive Forense
em Crimes Ambientais

Manual de
Instruções

Desvende este mistério!

Manual de Instruções

CONTEÚDO

- » 2 Tabuleiros (frente e verso);
- » 58 Cartões-pista (Caso I, 28 cartas e Caso II, 30 cartas);
- » 4 Lupas;
- » 8 Peões;
- » 2 Dados;
- » Manual de Instruções;
- » Banco de Espécies;
- » Livro de Respostas;
- » Papéis e caneta;

JOGABILIDADE

Conteúdos de Biologia requeridos para jogar: Biologia molecular (conceitos básicos sobre DNA, genes, sequências de bases, mutações e genética forense), banco de dados de nucleotídeos (NCBI, GenBank, Bold System...), nomenclatura científica, diversidade biológica, crimes ambientais e biopirataria.

O jogo exige um mínimo de 4 participantes, podendo estender-se a até 8, os quais podem se dividir em equipes de investigação, como em 2 duplas ou 2 quartetos.

As equipes podem ser representadas pelas cores das peças, sendo estas: Vermelho, Azul, Verde e Amarelo. Cada cor possui 4 peças diferentes: DNA, Interrogação, Pata e Lupa. Portanto os jogadores podem jogar individualmente ou dividir-se em grupos, da maneira que julgarem justo.

O jogo apresenta dois casos distintos (Caso I – Peixe Fora D'Água e Caso II – Peles e Penas), portanto um destes deve ser escolhido, assim como a modalidade de jogo, descrita ao final do item "Jogabilidade", e as pistas a serem utilizadas.

Cada grupo, ou jogador, deve ter ao menos um smartphone disponível com leitor de QR Codes e acesso à Internet para desvendar as pistas, utilizar ferramentas de pesquisa e acessar o GenBank e o Bold System.

Os cartões pista devem ser colocados próximos dos lugares aos quais pertencem e as lupas devem estar dispostas no tabuleiro para que, quando necessário, todos os jogadores possam utilizá-las.

Um representante de cada grupo deve ser escolhido para decidir, nos dados, quem começará a partida. Aquele que conseguir a maior soma de valores (vistos na face superior do dado) começa a jogar, sendo seguidos pelo grupo/pessoa à sua direita. Quando em grupo, a cada rodada, todas as pessoas efetuarão jogadas individuais, trazendo suas pistas para

Todos começam com o peão fora do tabuleiro e, seguindo uma sequência predeterminada, jogam, obrigatoriamente, os dois dados juntos, então, soma-se as faces superiores dos mesmos e o número obtido corresponderá a um lugar do tabuleiro.

Exemplo: os dados foram jogados, em uma das faces obteve-se o número 2 e na outra o número 3, somando estes, temos o número 5, que corresponde à Casa da Dona Matilde, no caso CASO I – PEIXE FORA D'ÁGUA, ou à Empresa Brada (Milão, Itália) no CASO II – PENAS E PELES.

Lista de locais e números correspondentes de cada caso:

CASO I – PEIXE FORA D'ÁGUA	CASO II – PENAS E PELES	
<i>LUGARES</i>	<i>LUGARES</i>	<i>Nº</i>
Hospital (1 carta)	Bolívia (1 carta)	2
Rio da Cidade (4 cartas)	International Department of Environment and Sustainability (2 cartas)	3
Departamento de Investigação Ambiental (2 cartas)	Frankfurt, Alemanha (2 cartas)	4
Casa da Dona Matilde (2 cartas)	Empresa Brada (Milão, Itália) (2 cartas)	5
Fornecedor Local (5 cartas)	Departamento de Investigação Ambiental (6 cartas)	6
Restaurante Ping (6 cartas)	Empresa Aracaré (Mato Grosso, Brasil) (4 cartas)	7
Delegacia (3 cartas)	Europäische Polizei (Berlim, Alemanha) (6 cartas)	8
Casa do Sr. Eustácio (2 cartas)	Ilha de Ascensão, Oceano Atlântico (2 cartas)	9
Igreja (2 cartas)	Paris, França (2 cartas)	10
Rio da Cidade (4 cartas)	Lojas Brada (2 cartas)	11
Indústria (1 carta)	Nouakchott, Mauritânia (1 carta)	12

Assim que o jogador adentrar um local, ele pode:

- » Escolher uma das pistas contidas no local onde parou e, com ajuda da ferramenta adequada para o tipo de pista escolhida (Leitor de QR Codes ou Lupa), realizar a leitura da mesma;
- » Passar a vez (indicado para quando todas as pistas do local já foram vistas);

As pistas devem ser anotadas em um papel para que se consiga chegar a uma conclusão do caso e para que, quando em grupo, as informações possam ser compartilhadas e então devolvidas ao lugar onde pertencem.

TIPOS DE PISTAS

Pista Texto: Nesse tipo de pista encontram-se textos como: depoimentos, tickets de compras e/ou outros que possam lhe ajudar a desvendar o crime. Leia atentamente o conteúdo e anote o que julgar importante/relevante. Será necessário o uso da lupa para a leitura.

QR Cards: Para pistas com QR Code será necessário o uso de um smartphone (com leitor de códigos instalado). Nestes códigos, serão identificadas sequências genéticas, as quais deverão ser copiadas e transcritas no site GenBank para serem decifradas, chegando à espécie do animal referido na pista.

Cada caso apresenta 3 criminosos no total. Portanto para uma partida de um caso completo, envolvendo todos os crimes, o tempo de duração será considerável (a depender também da quantidade de jogadores e do desempenho ao decorrer da partida). Dessa forma, a jogabilidade pode ser alterada em termos de dificuldade e duração.

Para o **primeiro caso (Peixe Fora D'água)** sugere-se o seguinte uso das pistas, de acordo com a quantidade de crimes a serem incluídos.

Modalidade	1 Criminoso	
	1ª Opção	2ª Opção
Pistas necessárias	Hospital (1) Rio da Cidade (1, 2, 3 e 4) D.I.A. (1 e 2) Fornecedor (1, 2, 3, 4 e 5) Restaurante Ping (1, 2, 3 e 5) Delegacia (2 e Fim de Jogo) Casa do Sr. Eustácio (1 e 2) Igreja (2)	Hospital (1) Rio da Cidade (1, 2, 3 e 4) D.I.A. (1) Fornecedor (1, 2, 3, 4 e 5) Restaurante Ping (1, 2, 3, 4, 5 e 6) Delegacia (2 e Fim de Jogo) Casa do Sr. Eustácio (1 e 2)
Modalidade	2 Criminosos	
Pistas necessárias	Hospital (1) Rio da Cidade (1, 2, 3 e 4) D.I.A. (1 e 2) Fornecedor (1, 2, 3, 4 e 5) Restaurante Ping (1, 2, 3, 4, 5 e 6) Delegacia (2 e Fim de Jogo) Casa do Sr. Eustácio (1 e 2) Igreja (2)	
Modalidade	3 Criminosos (Jogo Completo)	
Pistas necessárias	Hospital (1) Rio da Cidade (1, 2, 3 e 4) D.I.A. (1 e 2) Casa da Dona Matilde (1 e 2) Fornecedor (1, 2, 3, 4 e 5) Restaurante Ping (1, 2, 3, 4, 5 e 6) Delegacia (1, 2 e Fim de Jogo) Casa do Sr. Eustácio (1 e 2) Igreja (2) Indústria (1)	

Para o **segundo caso (Penas e Peles)**, sugere-se o jogo completo, sem personalização, devido às pistas estarem bastante conectadas entre todos os criminosos.

Em partidas de modalidades que não incluem todos os locais dispostos no tabuleiro, quando um destes for sorteado nos dados, o jogador deve lança-los novamente até que um lugar com pistas ativas seja selecionado.

Durante a jogabilidade, o **Banco de Espécies** pode ser consultado por qualquer um dos jogadores/equipes, servindo de apoio para obtenção de informações sobre as espécies contidas no jogo. Nele consta, para cada espécie, um link para o site BoldSystems, com informações oficiais sobre espécimes encontradas e catalogadas, além de um QR Code com informações gerais em português sobre as espécies.

FIM DE JOGO

Há 3 formas possíveis para finalização do jogo:

» **Carta “Fim de Jogo”**: Ao chegar no local do tabuleiro onde está localizada a carta “Fim de Jogo”, o jogador/grupo pode escolhê-la e determinar o fim da partida. Após a leitura do cartão, o jogo segue por mais uma rodada e então é finalizado, iniciando a conferência das respostas pelo jogador/grupo que havia determinado o fim do jogo. Neste momento, todos devem anotar suas conclusões (sendo válido, quando em grupo, apenas uma por equipe) para então serem conferidas no Livro de Respostas correspondente ao caso escolhido e pontuando conforme o valor de cada criminoso, exibido no próprio livro.

» **Consenso**: Quando todos os jogadores/equipes entrarem em consenso sobre a finalização do jogo, sob qualquer motivo, ele termina. Neste momento, todos devem anotar suas conclusões (sendo válido, quando em grupo, apenas uma por equipe) para então serem conferidas no Livro de Respostas correspondente ao caso escolhido e pontuando conforme o valor de cada criminoso, exibido no próprio livro.

» **Ordem do mediador**: Se o jogo estiver sendo utilizado sob orientação de um mediador, como um professor em sala de aula, este pode finalizar a partida quando achar conveniente. Dessa forma, após a ordem do mediador, todos devem anotar suas conclusões (sendo válido, quando em grupo, apenas uma por equipe) para então serem conferidas no Livro de Respostas correspondente ao caso escolhido e pontuando conforme o valor de cada criminoso, exibido no próprio livro.

Deve constar na conclusão: Nome do criminoso e/ou local onde o crime ocorria, espécie(s) ‘vítima(s)’ e qual foi o delito. Exemplo: Sr. Cláudio, dono do zoológico, fazia parte do tráfico de Babuínos no estado do Pará.

ATENÇÃO! A carta de fim de jogo, não poderá ser usada nas 3 primeiras rodadas e poderá apenas ser escolhida quando o jogador tirar nos dados o valor correspondente ao local onde ela se encontra.

Obs.: optou-se por não utilizar a carta “Fim de Jogo”, sendo retira do jogo.

Instruções para o Jogo

A jogo exige um mínimo de 4 participantes (2 duplas), podendo estender-se a até 8 (2 quartetos), os quais se dividem em duas equipes de investigação.

As equipes podem ser representadas pelas cores das peças, sendo estas: Vermelho, Azul, Verde e Amarelo. Cada cor possui 4 peças diferentes: DNA, Interrogação, Pata e Lupa.

O jogo apresenta dois casos distintos: **Caso I – Peixe Fora D'Água** (FIGURAS 11 e 12) e **Caso II – Penas e Peles** (FIGURAS 13 e 14). Escolhe-se um dos jogos bem como a modalidade de jogo, descrita ao final do item “Jogabilidade”, e as pistas a serem utilizadas.

FIGURA 11 TABULEIRO DO CASO I PEIXE FORA D'ÁGUA



Fonte: a autora

FIGURA 12: PISTAS DISPOSTAS AO LADO DO TABULEIRO, DE ACORDO COM SUAS LOCALIZAÇÕES



Fonte: a autora

FIGURA 13: TABULEIRO DO CASO PENAS E PELES



Fonte: a autora

FIGURA 14: PISTAS DISPOSTAS AO LADO DO TABULEIRO, DE ACORDO COM SUAS LOCALIZAÇÕES



Fonte: a autora

Cada equipe, ou jogador, deve ter ao menos um *smartphone* disponível com leitor de QR Codes e acesso à internet para desvendar as pistas, utilizar ferramentas de pesquisa e acessar o GenBank e o BOLD Systems.

Os links utilizados no jogo

Leitores de QR Code:

QR Droid Private™ (DroidLa) – para dispositivos Android. Link: <https://goo.gl/CQLTCe5>

QR Code Reader (Scan, Inc) – para dispositivos IOS. Link: <https://goo.gl/yXjNN>

Leitor de banco de dados genéticos:

GenBank (National Center for Biotechnology Informationp NCBI) – banco de dados de anotações de sequências de nucleotídeos publicamente disponíveis.

Ferramenta para identificação por sequências de nucleotídeos: Link: <https://goo.gl/YyNfwg>

Os **cartões-pista** devem ser colocados próximos dos lugares aos quais pertencem (FIGURAS 11 e 13) e as lupas devem estar dispostas no tabuleiro para que, quando necessário, todos os jogadores possam usá-las.

Um representante de cada equipe deve ser escolhido para decidir, nos dados, quem começará a partida. Aquele que conseguir a maior soma de valores começa a jogar, sendo seguido pela equipe/pessoa à sua direita.

A cada rodada, todos os integrantes da mesma equipe efetuarão jogadas individuais, trazendo suas pistas para discussão dentro da mesma.

Todos começam com o peão fora do tabuleiro e, seguindo uma sequência predeterminada, jogam obrigatoriamente, os dois dados juntos. Somam-se os dados e o número obtido corresponderá a um lugar do tabuleiro.

Exemplo: os dados foram jogados, em uma das faces obteve-se o número 2 e na outra o número 3, somando estes, temos o número 5, que corresponde à Casa da Dona Matilde, no caso I – PEIXE FORA D'ÁGUA, ou à Empresa Brada (Milão, Itália) no caso II – PENAS E PELES.

QUADRO 1: LISTA DE LOCAIS E NÚMEROS CORRESPONDENTE NO TABULEIRO, DE CADA CASO:

CASO I –PEIXEFORA D’ÁGUA	CASO II –PENAS E PELES	
LUGARES	LUGARES	Nº
Hospital (1 carta)	Bolívia (1 carta)	2
Rio da Cidade (4 cartas)	International Department of Environment and Sustainability (2 cartas)	3
Departamento de Investigação Ambiental (2 cartas)	Frankfurt, Alemanha (2 cartas)	4
Casa da Dona Matilde (2cartas)	Empresa Brada (Milão, Itália) (2 cartas)	5
Fornecedor Local (5 cartas)	Departamento de Investigação Ambiental (6 cartas)	6
Restaurante Ping (6 cartas)	Empresa Aracaré (Mato Grosso, Brasil) (4 cartas)	7
Delegacia (3 cartas)	Europäische Polizei (Berlim, Alemanha) (6 cartas)	8
Casa do Sr.Eustácio (2 cartas)	Ilha de Ascensão, Oceano Atlântico (2 cartas)	9
Igreja (2 cartas)	Paris, França (2 cartas)	10
Rio da Cidade (4 cartas)	LojasBrada (2 cartas)	11
Indústria (1 carta)	Nouakchott, Mauritânia (1 carta)	12

Fonte: a autora

Assim que o jogador adentrar um local, ele pode:

- Escolher uma das pistas contidas no local onde parou e, com ajuda da ferramenta adequada para o tipo de pista escolhida, realizar a leitura da mesma. O leitor de QR Codes será necessário, para fazer a leitura de algumas das pistas, que conterão sequências genéticas. A lupa com lente vermelha, poderá ser utilizada, caso seja a pista contenha um emaranhado de linhas vermelhas, sobre um texto azul. Observando a pista com a lupa, o jogador conseguirá ler o texto, desvendando-a.
- Passar a vez (indicado para quando todas as pistas do local já foram vistas);

As pistas devem ser anotadas em um papel para que se consiga chegar a uma conclusão do caso e para que, quando em grupo, as informações possam ser compartilhadas e então devolvidas ao lugar onde pertencem.

Tipos de Pistas

Pista Texto: Nesse tipo de pista encontram-se textos como: depoimentos, tickets de compras e/ou outros que possam lhe ajudar a desvendar o crime. Leia atentamente o conteúdo e anote o que julgar importante/relevante. Será necessário o uso da lupa para a leitura.

QR Cards: Para pistas com QR Codes será necessário o uso de um smartphone (com leitor de códigos instalado). Nestes códigos, serão fornecidas sequências genéticas, as quais deverão ser copiadas e analisadas no site GenBank para serem decifradas, chegando à espécie do animal referido na pista.

Cada caso pode apresentar até 3 criminosos no total. Portanto, para uma partida de um caso completo, envolvendo todos os crimes, o tempo de duração será considerável (a depender também da quantidade de jogadores e do desempenho ao decorrer da partida). Dessa forma, a jogabilidade pode ser alterada em termos de dificuldade e duração (QUADROS 2,3, e 4).

No QUADRO 2, pode-se perceber que há duas possibilidades para encontrar 1 criminoso. Os estudantes podem optar por jogar qualquer uma delas.

Para o **primeiro caso (Peixe fora d'água)**, sugere-se o uso das pistas, de acordo com a quantidade de crimes a serem incluídos (QUADROS 2,3 e 4).

Obs.: Em partidas de modalidades que não incluem todos os locais dispostos no tabuleiro, quando um destes for sorteado nos dados, o jogador deve lançá-los novamente até que um lugar com pistas ativas seja selecionado.

QUADRO 2: MODALIDADE DE CURTA DURAÇÃO, COM 1 CRIMINOSO.

MODALIDADE	1 CRIMINOSO	1 CRIMINOSO
Pistas necessárias	<i>1ª Opção</i>	<i>2ª Opção</i>
	Hospital (1)	Hospital (1)
	Rio da Cidade (1, 2, 3 e 4)	Rio da Cidade (1, 2, 3 e 4)
	D.I.A. (1 e 2)	D.I.A. (1)
	Fornecedor (1, 2, 3, 4 e 5)	Fornecedor (1, 2, 3, 4 e 5)
	Restaurante Ping (1, 2, 3 e 5)	Restaurante Ping (1, 2, 3, 4, 5 e 6)
	Delegacia (1, 2)	Delegacia (1, 2)
	Casa do Sr. Eustácio (1 e 2)	Casa do Sr. Eustácio (1 e 2)
	Igreja (2)	

Fonte: a autora

QUADRO 3 MODALIDADE DE DURAÇÃO E DIFICULDADE MEDIANAS, COM 2 CRIMINOSOS

MODALIDADE	2 CRIMINOSOS
Pistas necessárias	Hospital (1)
	Rio da Cidade (1, 2, 3 e 4)
	D.I.A. (1 e 2)
	Fornecedor (1, 2, 3, 4 e 5)
	Restaurante Ping (1, 2, 3, 4, 5 e 6)
	Delegacia (1, 2)
	Casa do Sr. Eustácio (1 e 2)
	Igreja (2)

Fonte: a autora

QUADRO 4: MODALIDADE DE MAIOR DURAÇÃO E DIFICULDADE

MODALIDADE	3 CRIMINOSOS (JOGO COMPLETO)
Pistas necessárias	Hospital (1)
	Rio da Cidade (1, 2, 3 e 4)
	D.I.A. (1 e 2)
	Casa da Dona Matilde (1 e 2)
	Fornecedor (1, 2, 3, 4 e 5)
	Restaurante Ping (1, 2, 3, 4, 5 e 6)
	Delegacia (1, 2)
	Casa do Sr. Eustácio (1 e 2)
	Igreja (2)
	Indústria (1)

Fonte: a autora

Para o **segundo caso (Penas e peles)**, sugere-se o jogo completo, devido as pistas estarem bastante conectadas entre todos os criminosos.

Quando os jogadores encontrarem o nome das espécies no banco de dados, há a possibilidade de consultarem o **Banco de Espécies (APÊNDICE 2)**, para visualizarem a imagem do animal, seu nome científico, localização, taxonomia dentre outros dados. Para a visualização, será necessária a utilização de QR Codes.

Fim de jogo:

Há 2 formas possíveis, para finalização do jogo:

Consenso: Quando todos os jogadores já possuírem conclusões definidas e entrarem em consenso sobre a finalização do jogo, ele termina. Neste momento, todos devem anotar suas conclusões (sendo válido, quando em grupo, apenas uma por equipe) para então serem conferidas no Livro de Respostas correspondente ao caso escolhido e pontuando conforme o valor de cada criminoso, exibido no próprio livro.

Ordem do mediador: Se o jogo estiver sendo utilizado sob orientação de um mediador, como um professor em sala de aula, este pode finalizar a partida quando achar conveniente. Dessa forma, após a ordem do mediador, todos devem anotar suas conclusões (sendo válido, quando em grupo, apenas uma por equipe) para então serem conferidas no Livro de Respostas (APÊNDICE 2) correspondente ao caso escolhido e pontuando conforme o valor de cada criminoso, exibido no próprio livro.

Deve constar na conclusão do caso: Nome do criminoso e/ou local onde o crime ocorria, espécie (s) ‘vítima (s)’ e qual foi o delito.

Exemplo: Sr. Cláudio, dono do zoológico, fazia parte do tráfico de Babuínos no estado do Pará.

Detetive Forense em Crimes Ambientais

Livro de
Respostas

LIVRO DE RESPOSTAS.

Caso 1 - Peixe Fora D'gua.

Conclusão: Os criminosos na cidade são três.

01. O proprietário da Indústria de Papel, recentemente instalada na cidade, já deixa de cumprir seus deveres ecológicos e faz o descarte dos resíduos tóxicos liberados diretamente no Rio da Cidade, o que causa a poluição das águas e a contaminação das espécies *Arapaima gigas* (Pirarucu), *Salminus brasiliensis* (Dourado) e *Centropomus undecimalis* (Robalo).

02. O Fornecedor alimentício pesca no Rio da Cidade e vende peixes da espécie *Centropomus undecimalis* (Robalo) que se encontra em época de piracema (período de reprodução), quando sua pesca é proibida.

03. O Sr. Pong, proprietário do restaurante de comida oriental "Ping", vende seus pratos como sendo feitos de Salmão (*Oncorhynchus tshawytscha*), enquanto utiliza carne de Truta-arco-íris salmonada (*Oncorhynchus mykiss*) no preparo.

Pontuação: Para conclusões corretas sobre cada um dos criminosos 1, 2 e 3, atribui-se, respectivamente, 10, 20 e/ou 30 pontos. Para respostas incompletas, atribui-se metade da pontuação indicada. Conclusões incorretas não pontuam.

Caso II - Penas e Peles.

Conclusão: Os criminosos na cidade são três.

01. Arlindo e Jurema, proprietários da empresa Aracaré, sediada no estado do Mato Grosso, participam do tráfico internacional das espécies nativas Arara-azul-grande (*Anodorhynchus hyacinthinus*) e Jacaré-de-papo-amarelo (*Caiman latirostris*) contribuindo com o risco de extinção das mesmas.

02. Charles, um empresário alemão bem-sucedido, compra – por meio de contrabando – e mantém espécies nativas brasileiras como a Arara-azul-grande (*Anodorhynchus hyacinthinus*) em cativeiro nos seus parques clandestinos.

03. O proprietário das Empresas Brada, sediada na cidade de Milão, na Itália, faz parte do contrabando internacional de espécies, entre as quais está o Jacaré-de-papo-amarelo (*Caiman latirostris*), pertencente à fauna nativa brasileira, e as utiliza na confecção dos produtos de sua marca, como bolsas e artigos de moda, sem as devidas licenças para isso. Além de utilizar de propaganda enganosa ao divulgar seus produtos como ecológicos e livres de matéria animal.

Pontuação: Para conclusões corretas sobre cada um dos criminosos 1, 2 e 3, atribui-se, respectivamente, 10, 20 e/ou 30 pontos. Para respostas incompletas, atribui-se metade da pontuação indicada. Conclusões incorretas não pontuam.

BANCO DE ESPÉCIES.

Lista de Espécies

Prova do Crime



Anodorhynchus glaucus
<http://bit.ly/boldsystems1>

Anodorhynchus hyacinthinus
<http://bit.ly/boldsystems2>



Ara ararauna
<http://bit.ly/boldsystems3>

Arapaima gigas
<http://bit.ly/boldsystems4>



Blastocerus dichotomus
<http://bit.ly/boldsystems5>

Caiman latirostris
<http://bit.ly/boldsystems6>



Caiman yacare
<http://bit.ly/boldsystems7>

Centropomus undecimalis
<http://bit.ly/boldsystems8>



Obs.: Aonde se lê Prova do Crime, leia-se Detetive Forense em Crimes Ambientais.



Chrysocyon brachyurus
<http://bit.ly/boldsystems9>

Leopardus wiedii
<http://bit.ly/boldsystems10>



Myrmecophaga tridactyla
<http://bit.ly/boldsystems11>

Oncorhynchus tshawytscha
<http://bit.ly/boldsystems12>



Oncorhynchus mykiss
<http://bit.ly/boldsystems13>

Panthera onca
<http://bit.ly/boldsystems14>



Pumatomus saltatrix
<http://bit.ly/boldsystems15>

Pteronura brasiliensis
<http://bit.ly/boldsystems16>



Salminus brasiliensis
<http://bit.ly/boldsystems17>

A consulta das imagens nos QR Codes (do banco de espécies), leva a sites que darão informações sobre as espécies encontradas no jogo, que podem ser utilizadas para desvendar os crimes, como as imagens a seguir:



APÊNDICE 3 : QUESTIONÁRIO

1. O que você mais gostou ao realizar as atividades propostas? Justifique sua resposta.
2. Você acha que esse tipo de atividade, possibilita melhor aprendizado dos conteúdos trabalhados? Justifique.
3. Foi interessante estudar os conteúdos de Biologia, com esse tipo de atividade?

4. O que você mudaria na proposta apresentada?

5. Qual (is) a (s) maior (es) dificuldade(s), que você identificou, durante o desenvolvimento das atividades?

APÊNDICE 4 :

TUTORIAL SOBRE GENÉTICA FORENSE EM CRIMES AMBIENTAIS

Este tutorial é destinado a leitura dos professores, com a finalidade dar suporte teórico referente a Genética da Conservação, DNAmít, e a técnica do DNA *Barcoding*, temas encontrados tanto na sequência didática, quanto no jogo Detetive Forense em Crimes Ambientais.

GENÉTICA DA CONSERVAÇÃO

O Brasil possui a maior diversidade biológica do mundo. Constantemente esta biodiversidade é ameaçada, através de atos criminosos como: contrabando, caça e pesca ilegais, comércio ilegal de espécies, queimadas, poluição, desmatamentos, introdução de espécies exóticas, etc. Como resultado temos a extinção e ameaça dela, de muitas espécies naturais (GARRIDO, 2017).

Segundo Ferreira (2012), o comércio ilegal de fauna, bem como a perda e degradação dos habitats, são as principais ameaças aos animais silvestres brasileiros, sendo as aves canoras, as mais visadas para esse tipo de comércio. O número de apreensões, provenientes deste tipo de comércio ilegal, cresce a cada ano, porém ainda há um número muito grande de aves que não sobrevivem.

SANTOS *et al.* (2004, p.79), relatam que no Brasil tem um enorme potencial de biodiversidade, e através de regulamentações do acesso ao patrimônio genético das espécies, pode-se impedir problemas como a Biopirataria, conceituada mundialmente como: “Dentre as ações incriminatórias, a Biopirataria que é descrita como a exploração, manipulação, exportação ou comercialização internacional de recursos biológicos que contrariam as normas da Convenção sobre Diversidade Biológica” (ONU, 1992).

Com o intuito de combater ações criminosas contra o meio ambiente, foi criada a Lei 9605/98, a qual “ Dispõe sobre as sanções penais e administrativas derivadas de condutas e atividades lesivas ao meio ambiente, e dá outras providências.

Art. 29. Matar, perseguir, caçar, apanhar, utilizar espécimes da fauna silvestre, nativos ou em rota migratória, sem a devida permissão, licença ou autorização da autoridade competente, ou em desacordo com a obtida:

§ 1º Incorre nas mesmas penas:

III - quem vende, expõe à venda, exporta ou adquire, guarda, tem em cativeiro ou depósito, utiliza ou transporta ovos, larvas ou espécimes da fauna silvestre, nativa ou em rota migratória, bem como produtos e objetos dela oriundos, provenientes de criadouros não autorizados ou sem a devida permissão, licença ou autorização da autoridade competente”.

Mesmo com a determinação criminosa da qualquer tipo de ação contra o patrimônio ambiental, Carbonaro (2011) indica que, nas últimas décadas, a diversidade biológica do planeta tem sido reduzida de forma drástica, sendo que a ação humana é responsável direta ou indireta pela destruição e fragmentação de habitat, migração de espécies para novas localidades, sobre-exploração, poluição. A mesma autora alerta que grande parte da variabilidade genética, importante econômica e ecologicamente foi perdida, ocasionando uma limitação no potencial adaptativo às modificações ambientais.

Os estudos relacionados a genômica, tem contribuído muito para a genética da conservação e evolução, pois facilita o diagnóstico de espécies ameaçadas de extinção, contribuindo com o estudo da biologia e evolução das espécies, interações entre elas e desaparecimento das mesmas no ambiente natural (SANTOS et al. 2004, p.1).

Desta forma conceitos e técnicas de Biotecnologia, que inicialmente foram utilizadas pelas Ciências Forenses (DNA e marcadores moleculares, reação em cadeia da polimerase-PCR e impressões digitais do DNA), voltados para os testes de paternidade, de criminalística, identificação de restos mortais humanos e na arqueologia humana, apresentam atualmente uma variedade de aplicações importantes para proteger o meio ambiente e a biodiversidade, como: na biologia conservacionista, resolução de crimes ambientais, na identificação de restos animais e vegetais, na paleontologia, etc. Assim, a genética forense, que tem se destacado por subsidiar e dar auxílio a Justiça, para desvendar casos de investigação criminal, através da análise de materiais biológicos coletados no local do crime (sangue, sêmen, fios de cabelo, dentre outros), como as análises individuais de um corpo ou parte dele e identificações biológicas de parentesco (de paternidade, maternidade...), agora são empregadas também a favor da manutenção da biodiversidade.

GENÉTICA FORENSE: DO DNA NUCLEAR ATÉ O BARCODING

Inicialmente a identificação genética era feita através da análise do DNA nuclear, pois possui materiais genéticos do pai e da mãe, entretanto atualmente o DNA mitocondrial (DNAmít ou mtDNA), tem sido muito usado para a identificação biológica de parentesco. Este DNAmít é encontrado dentro das mitocôndrias (organelas celulares que realizam a respiração celular), bastante resistente à ação de enzimas, o que o torna um ótimo material para estudos forenses. O DNAmít é muito utilizado também quando o DNA nuclear não for suficiente ou houver pequena quantidade de material para análise ou ainda quando o material estiver degradado ou contaminado, já que há um número bem maior de cópias dele nas células (dentro das mitocôndrias). Ele também possui uma certa proteção quanto a degradação do material, pois a mitocôndria tem membrana dupla (PINTO,2016).

O DNAmít apresenta somente o padrão de herança materna, ou seja, em todos os familiares por parte de mãe, a sequência é idêntica. O fato do DNAmít ser haploide, faz com que haja apenas uma sequência que possa ser detectada no organismo. Sua vantagem também está no tamanho pequeno e estrutura simples, quando comparado ao genoma nuclear. (Harrison,1989).

Em muitos países, utiliza-se a análise de DNAmít em investigações forenses relacionadas a conservação da biodiversidade. Essas análises possibilitam a identificação das espécies e a origem geográfica (população) das mesmas.

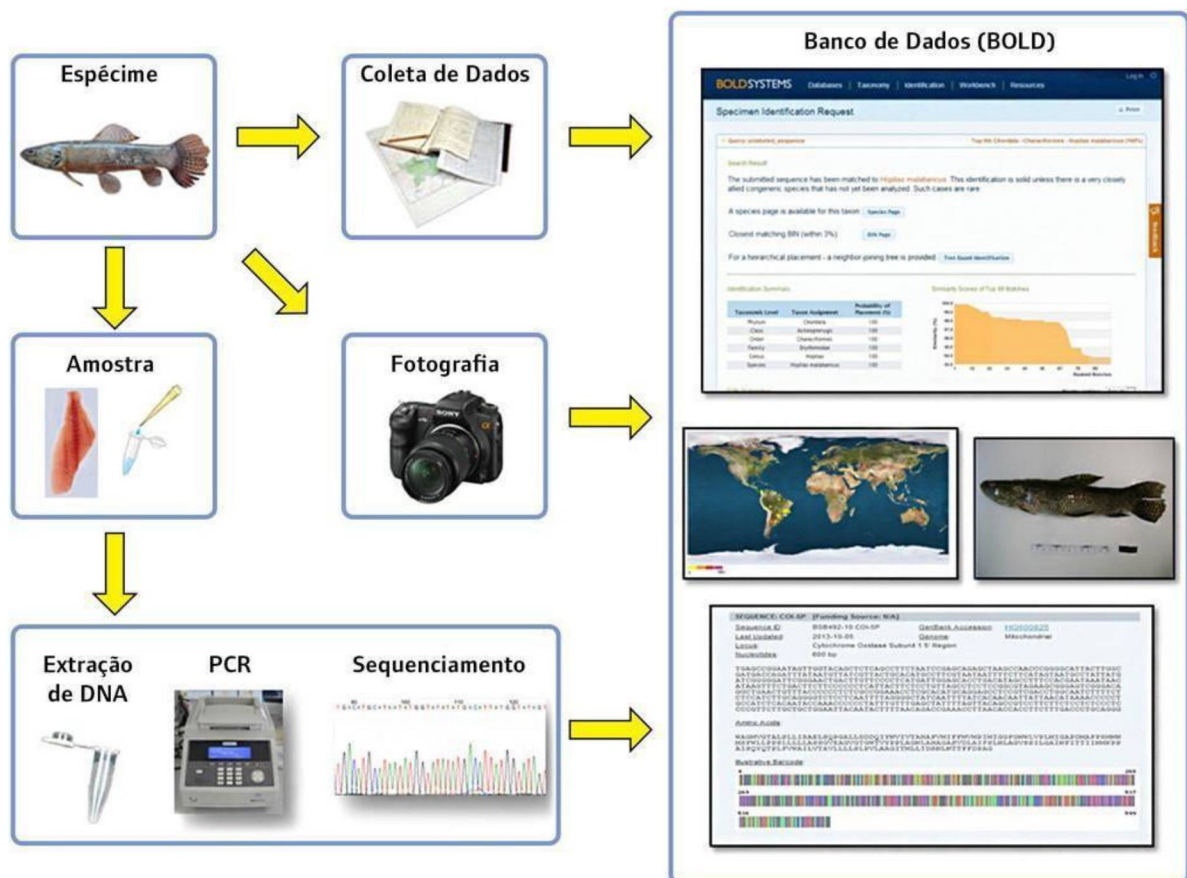
Para a análise de provas que possam indicar crimes ambientais, utiliza-se a Biologia Forense, que segundo Santos (2019), é a ciência “responsável por fornecer informações que ajudam a solucionar crimes ...utiliza vestígios biológicos como provas“.

Segundo Harrison (1989),o DNAmít é muito utilizado em estudos para caracterização de populações, espécies, subespécies e estudos relacionados ao caráter evolutivo e filogenético. Também é amplamente aplicados, como evidências forenses em casos litigiosos, como de detecção de caça e coletas ilegais de animais silvestres. A análise do DNAmít é possível até em amostras degradadas e com pouca quantidade de DNA, por isso é considerado uma ótima ferramenta forense (CARVALHO, 2013). É a possível fazer a classificação taxonômica de carnes apreendidas, ovos, peles, dentre outros materiais biológicos, obtendo resultados confiáveis (HEBERT *et al.*, 2004; CARVALHO, 2013).

O sequenciamento de DNA, principalmente do genoma mitocondrial (gene COI e cyt B) foi utilizado em outros organismos senão o humano, inicialmente por Boore (BOORE et al., 1999, citado por GARRIDO 2017, p.33). A partir de então apresentou ampla aplicação, como quando o gene cyt B também foi utilizado, para identificação de espécies de aves apreendidas em tentativa de tráfico internacional (CARVALHO, 2013).

Paul Hebert *et al.*, (2003), na Universidade de Guelph (Ontário, Canadá), utilizaram pela primeira vez, um método que revolucionou a identificação de espécies através do sequenciamento de uma região do gene COI, com 648 pares de bases (pb). Esta região possui divergência nucleotídica entre os indivíduos, o que possibilita a distinção das espécies - Essa metodologia foi denominada **DNA Barcoding**(código de barras do DNA – figura 1).

FIGURA 1 : ESQUEMA DO MÉTODO DE DNA BARCODING



Fonte: (Genética na Escola | Vol. 10 | Nº 1 | 2015)

Gerasimenko em sua reportagem na Revista VEJA (Código de barras da vida acelera identificação das espécies - 17 julho 2011), descreve que “Cerca de 10% da biodiversidade brasileira será catalogada em quatro anos com a ajuda de uma técnica conhecida como **DNA**

Barcoding, o ‘código de barras da vida’. Cada espécie animal brasileira terá seu trecho de DNA sequenciado e em seguida será utilizado um código de barras com a sequência de nucleotídeos do DNA, semelhante ao código de barras comercial. Apenas um fragmento de um gene será utilizado para as comparações– o gene codificador da proteína Citocromo Oxidase I (COI) - é um bom marcador, por combinar trechos variáveis, dos indivíduos. A ideia desta técnica é fazer a identificação de toda a biodiversidade, de forma padronizada, criando uma base de dados completa e integrada.

Em continuidade ao texto na Revista VEJA, Gerasimenko (2011) descreve que esta técnica de identificação genética pode ser aplicada no combate ao tráfico de animais, no controle de fraudes no comércio de produtos animais, pois o Barcoding permite que partes dos animais (como pedaço de carne, ossos, pelos, sangue...) sejam utilizados para a identificação. Nos Estados Unidos a FDA (Food and Drug Administration), que regula alimentos e medicamentos, utiliza o código de barras no combate a fraudes na importação de produtos de origem animal.

A utilização dessa taxonomia molecular vem sendo muito utilizada no setor comercial, para autenticação de alimentos como diferentes tipos de carnes, visando a proteção dos consumidores contra fraudes. Grens (2011) descreve em sua reportagem sobre utilização do DNA Barcoding, ou Código de Barras do DNA (<https://www.the-scientist.com/notebook/barcode-high-41651>), por um grupo de estudantes do ensino médio da Trinity School, que teve ajuda de um pesquisador da Universidade Rockefeller e juntos realizaram e publicaram estudos sobre a proveniência biológica de sushis e chás na cidade de Nova York. Eles descobriram que muitos restaurantes de sushi, mentem sobre a espécie de peixes anunciada no cardápio. Em cada quatro amostras de peixe que coletavam em restaurantes e peixarias, uma estava errada: o atum era tilápia, salmão do Mediterrâneo era peixe-espada e também havia amostras de peixes em extinção. Coletaram vários tipos de chás, do refeitório da escola e de lojas de China Town. Os pesquisadores identificaram muitas espécies de plantas dentro dos chás - muitas das quais não estavam listadas nos rótulos. Cerca de um terço dos chás tinham ingredientes não listados. Muitas amostras não estavam nem no GenBank, nem no BOLD Systems (The DNA Barcode of Life Data Systems), destacando as limitações da técnica, porém os estudantes relatam ter sido um grande aprendizado e ficaram desapontados com a comercialização ilegal de espécimes da fauna e flora.

Essa técnica do DNAmít, hoje é muito utilizada, inclusive no Brasil, para comprovação de diversos tipos de alimentos rotulados de forma fraudulenta, biopirataria e

crimes ambientais diversos. Ela possibilita a identificação, caracterização e catalogação de espécies de forma mais rápida (KOSMANN, 2009).

Quando há suspeita de crime ambiental, é necessária uma correta identificação do material apreendido, porém muitas vezes são confiscadas partes do exemplar como: ovos, peles, carne, ou mesmo outros materiais biológicos, sendo muito difícil a tipificação da espécie a partir deste material. Para facilitar esta identificação, são empregadas tecnologias moleculares. Estas ferramentas moleculares podem contribuir tanto para a proteção animal e vegetal, como no combate à biopirataria e no manejo reprodutivo de espécies nativas (GARRIDO, 2017).

O emprego do sequenciamento de genes ou parte de genes, permite identificar as ordens das bases nitrogenadas no DNA ou de aminoácidos nas proteínas. Com o passar dos anos, esta metodologia ficou mais barata e ágil, o que possibilitou a geração de um grande volume de dados (sequências de DNA). As informações contidas nos bancos de dados biológicos, incluem as sequências de DNA, informações sobre os genes, sequências de aminoácidos, estruturas proteicas, expressão gênica, dados sobre variabilidade genética, vias metabólicas e ligações de genes/proteínas com doenças e síndromes genéticas. (KOSMANN, 2009).

Recentemente foi proposto o uso da região 5' do gene Citocromo Oxidase I como marcador único para realizar a identificação de espécies de animais. Os poucos estudos realizados com aves indicam que esse segmento mitocondrial é adequado para realizar tal tarefa. Foram sequenciadas cerca de 100 espécies de aves do VALE S.A. na Mata Atlântica e analisados os níveis de variabilidade intra e interespecíficas. Cada sequência obtida com o banco de sequências BOLD (The DNA Barcode of Life Data Systems). Os dados gerados deverão contribuir na rápida identificação de espécies de amostras de aves que não podem ser identificadas morfológicamente. Tal aplicação é muito útil em casos como de colisão com aeronaves, indivíduos apreendidos do tráfico ilegal de fauna (ex. embriões não eclodidos e jovens) e fiscalização de fronteira contra espécies invasoras. Essas ações podem auxiliar no planejamento do manejo da diversidade de aves visando sua conservação (MIYAKI, 2014).

DNA BARCODING

Explorando Taxonomia e Códigos de Barras

O Navegador de Taxonomia BOLD Systems, fornece informações específicas de táxon. Essas informações podem incluir o número de amostras coletadas, o número de amostras com sequências de códigos de barras, onde os espécimes são armazenados (por exemplo, a distribuição geográfica da ocorrência de táxon e imagens de espécimes). Os usuários podem explorar a hierarquia taxonômica de um organismo e aprender sobre o progresso do código de barras do DNA para um determinado grupo. Ao acessar o site do BOLD Systems <http://www.boldsystems.org/> (Barcode of Life Data Systems), pode-se clicar no início da tela, em explorar, para poder entrar com o nome popular ou científico da espécie, que se quer analisar os dados (FIGURA 2).

FIGURA 2: PÁGINA INICIAL DE PESQUISA COM NOME POPULAR OU NOME CIENTÍFICO DA ESPÉCIE

The screenshot displays the BOLD Systems-SDP website interface. At the top, the logo 'BOLDSYSTEMS-SDP' and 'STUDENT DATA-PORT@L' are visible, along with navigation links: 'Casa', 'Explorar', 'Identificação', 'Começo rápido', and 'Perguntas frequentes'. The main content area is titled 'Explorar' and features three primary search and navigation panels:

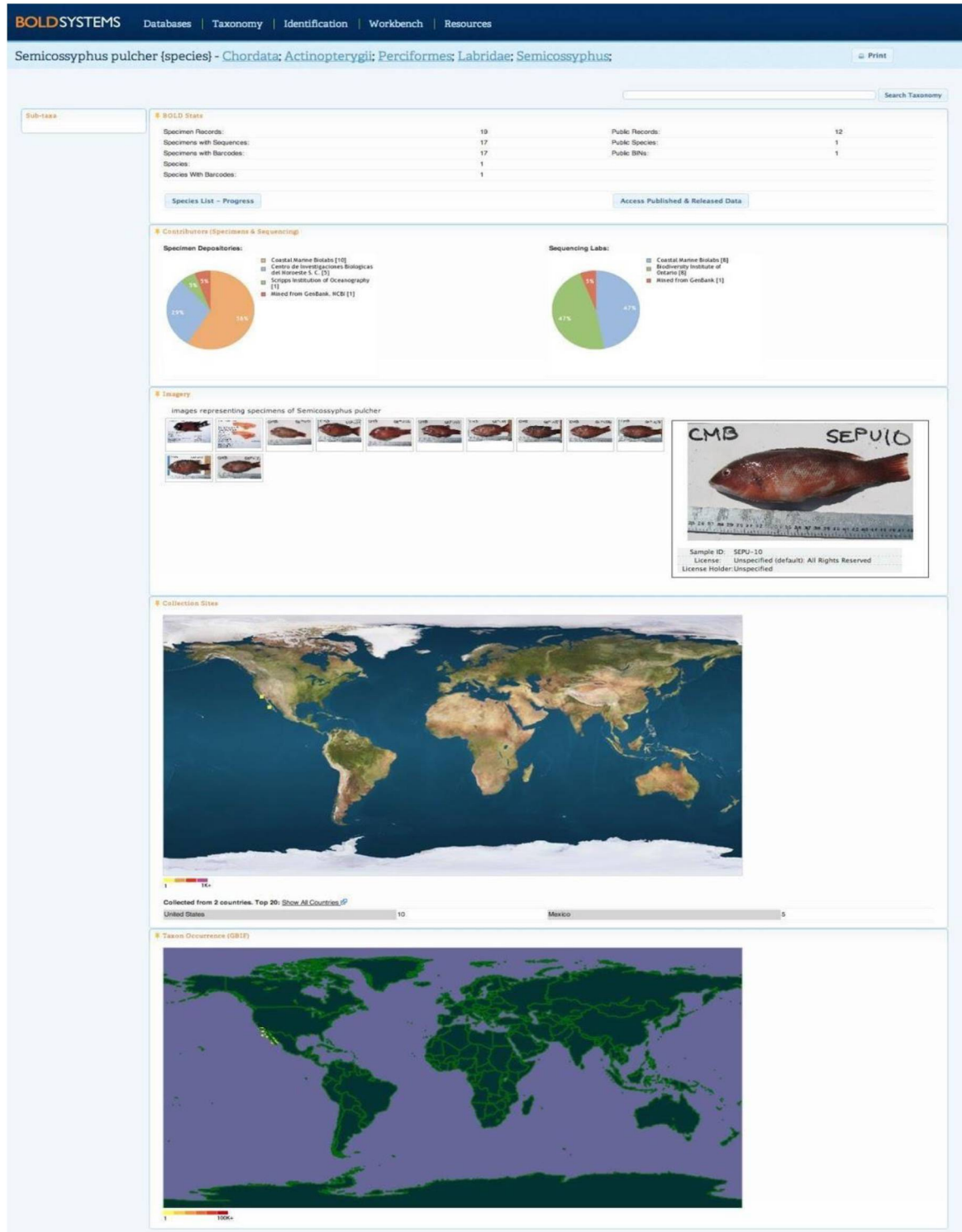
- Encontre um nome científico:** This panel provides three search options: 'Pesquisa no banco de dados de taxonomia do ITIS', 'Pesquisar base de dados de taxonomia NCBI', and 'Pesquisar base de dados de taxonomia EOL'. Each option includes a text input field and a 'Procurar' button.
- Navegador de Taxonomia:** This panel is for exploring species and learning more about a favorite taxon. It includes a search box for scientific names and a 'Procurar' button. Below the search box, it lists sample searches such as 'Estrela de Girassol (Pycnopodia helianthoides)', 'Lembre do mar da Califórnia (Aplysia californica)', and others.
- Portal de dados públicos:** This panel allows users to search through 1.3 million records generated by scientists and researchers worldwide. It includes a search box and a 'Procurar' button. Below the search box, it lists sample searches such as 'Chickadee preto-tampado (Parus harrisi)', 'Borboleta-monarca (Danaus plexippus)', and others.

An orange arrow points from the 'Navegador de Taxonomia' panel towards the 'Portal de dados públicos' panel, indicating a flow or relationship between the two.

Fonte: http://uni.boldsystems.org/index.php/SDP_Explore

Ao entrar com o nome da espécie, o site direciona para uma página que contém o máximo de informações sobre a espécie a ser analisada, como taxonomia, ecologia do animal, localização, imagens, dentre outros (FIGURA 3).

FIGURA 3: PÁGINA BOLD TAXONOMY BROWSER PARA O SHEEP HEAD DA CALIFÓRNIA



Fonte: http://v3.boldsystems.org/index.php/resources/sdphandbook?chapter=2_ExploringSystem.html

Há outra possibilidade caso não se saiba ainda o nome da espécie, porém tenha uma sequência de bases nitrogenadas. Acessar <http://www.boldsystems.org/>(Barcode of Life Data Systems) e no menu, selecionar identificação (identification). Em seguida, selecionar a opção registros de código de barras no nível de espécies (SpeciesLevelBarcode Records). No retângulo em branco que aparece abaixo, digitar ou colar a sequência da espécie a ser analisada e por último clicar em enviar (submit) (FIGURA 4).

FIGURA 4: PÁGINA PARA PEDIDO DE IDENTIFICAÇÃO DO INDIVÍDUO, A PARTIR DA SEQUÊNCIA DE BASES NITROGENADAS.

BOLD SYSTEMS-SDP
STUDENT DATA-PORT@L

Casa | Explorar | Identificação | Começo rápido | Perguntas frequentes

Pedido de identificação

Identificação Animal [COI] | Identificação Fúngica [ITS] | Identificação de plantas [rbcL & matK]

O Sistema de Identificação BOLD (IDS) para o COI aceita sequências da região 5' do gene da subunidade I mitocondrial citocromo c oxidase e retorna uma identificação em nível de espécie quando é possível. Validação adicional com marcadores genéticos independentes será desejável em algumas aplicações forenses.

Bases de Dados Históricas: [Jul-2015](#) [Jul-2014](#) [Jul-2013](#) [Jul-2012](#) [Jul-2011](#) [Jul-2010](#) [Jul-2009](#)

Bancos de dados de pesquisa:

- Todos os Registros de Código de Barras em BOLD (6.510.063 Sequências)
Todos os registros de códigos de barras COI em BOLD com um comprimento mínimo de sequência de 500 bp (aviso: biblioteca não validada e inclui registros sem identificação no nível de espécie). Isso inclui muitas espécies representadas por apenas um ou dois espécimes, bem como todas as espécies com taxonomia interina. Esta pesquisa só retorna uma lista das correspondências mais próximas e não fornece uma probabilidade de colocação para um taxon.
- Registros de Código de Barras no Nível de Espécies (3.519.458 Sequências / 207.897 Espécies / 88.993 Espécies Intermediárias)
Cada registro de código de barras COI com uma identificação de nível de espécie e um comprimento de sequência mínimo de 500 bp. Isso inclui muitas espécies representadas por apenas um ou dois espécimes, bem como todas as espécies com taxonomia interina.
- Banco de Dados de Códigos de Barras de Registros Públicos (1.441.387 Sequências / 117.847 Espécies / 37.134 Espécies Interinas)
Todos os registros de COI publicados da BOLD e GenBank com um comprimento de sequência mínimo de 500 pb. Esta biblioteca é uma coleção de registros da seção de projetos publicados do BOLD.
- Banco de Dados de Código de Barras com Registro de Comprimento Total (2.227.148 Sequências / 186.519 Espécies / 72.700 Espécies Interinas)
Subconjunto da biblioteca de Espécies com um comprimento de sequência mínimo de 640pb e contendo registros públicos e privados. Esta biblioteca destina-se a identificação de sequência curta, pois fornece sobreposição máxima com leituras curtas da região de código de barras do COI.

Digite sequências no formato fasta:

Fonte: <http://www.boldsystems.org/>

Se a sequência for encontrada no banco de dados, podem surgir um ou mais nomes científicos, que correspondem a identificação da amostra. Clicando sobre os nomes, aparecerão os dados da espécie (FIGURA 5).

O BOLD Public Data Portal (portal de dados públicos) permite que os usuários pesquisem entre mais de 1 milhão de registros já gerados por cientistas e pesquisadores de todo o mundo. O Portal de dados públicos fornece acesso aos registros reais, incluindo todos os dados de amostra, sequência e rastreamento (FIGURA 5).

FIGURA5: OS RESULTADOS DA PESQUISA DO PORTAL DE DADOS PÚBLICOS PARA A BORBOLETA MONARCA, *Danaus plexippus*.

Public Data Portal - Record List






Print

Danaus plexippus Public Data Search

XML TSV FASTA TRACE KML TSV Combined
 Specimen Data Sequences
 Generate map:

Show Help

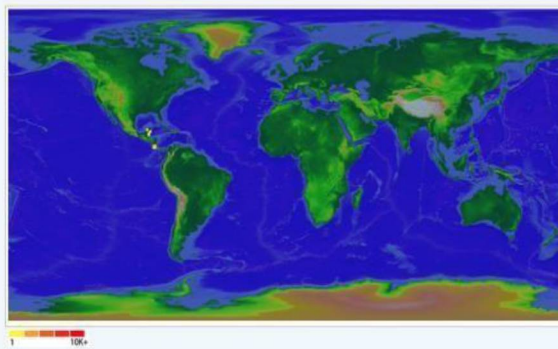
Showing Records 1 to 40 Page 1 Records Per Page 100

- BLPDO747-09 - Danaus plexippus [COI-SP-658]**
Taxonomy: Arthropoda, Insecta, Lepidoptera, Nymphalidae, Danaus
 Identifiers: 08-SRNP-108642[sample], 08-SRNP-108642[field], 08-SRNP-108642[museum]
 Depository: Area de Conservacion Guanacaste
 Collected in: Costa Rica, Guanacaste, Area de Conservacion Guanacaste
- BLPDO1006-10 - Danaus plexippus [COI-SP-658]** 
Taxonomy: Arthropoda, Insecta, Lepidoptera, Nymphalidae, Danaus
 Identifiers: 10-SRNP-103587[sample], 10-SRNP-103587[field], 10-SRNP-103587[museum]
 Depository: Area de Conservacion Guanacaste
 Collected in: Costa Rica, Alajuela, Area de Conservacion Guanacaste
- BLPDO835-10 - Danaus plexippus [COI-SP-658]** 
Taxonomy: Arthropoda, Insecta, Lepidoptera, Nymphalidae, Danaus
 Identifiers: 10-SRNP-103418[sample], 10-SRNP-103418[field], 10-SRNP-103418[museum]
 Depository: Area de Conservacion Guanacaste
 Collected in: Costa Rica, Alajuela, Area de Conservacion Guanacaste
- BLPDO887-10 - Danaus plexippus [COI-SP-658]** 
Taxonomy: Arthropoda, Insecta, Lepidoptera, Nymphalidae, Danaus
 Identifiers: 10-SRNP-103569[sample], 10-SRNP-103569[field], 10-SRNP-103569[museum]
 Depository: Area de Conservacion Guanacaste
 Collected in: Costa Rica, Guanacaste, Area de Conservacion Guanacaste
- BLPDO888-10 - Danaus plexippus [COI-SP-658]** 
Taxonomy: Arthropoda, Insecta, Lepidoptera, Nymphalidae, Danaus
 Identifiers: 10-SRNP-103570[sample], 10-SRNP-103570[field], 10-SRNP-103570[museum]
 Depository: Area de Conservacion Guanacaste
 Collected in: Costa Rica, Guanacaste, Area de Conservacion Guanacaste
- GBLN0198-08 - Danaus plexippus [COI-SP-625]**
Taxonomy: Arthropoda, Insecta, Lepidoptera, Nymphalidae, Danaus
 Identifiers: AF384183[sample]
 Depository: Mined from GenBank, NCBI
- GBLN0509-06 - Danaus plexippus [COI-SP-838]**
Taxonomy: Arthropoda, Insecta, Lepidoptera, Nymphalidae, Danaus
 Identifiers: DQ118954[sample]
 Depository: Mined from GenBank, NCBI
- GBLN2044-09 - Danaus plexippus [COI-SP-999]**
Taxonomy: Arthropoda, Insecta, Lepidoptera, Nymphalidae, Danaus
 Identifiers: EU300440[sample], EU300440[museum]
 Depository: Mined from GenBank, NCBI
- LEFIA1435-10 - Danaus plexippus [COI-SP-644]**
Taxonomy: Arthropoda, Insecta, Lepidoptera, Nymphalidae, Danaus
 Identifiers: NW108-21[sample], NW108-21[field]
 Depository: University of Oulu
- LYPAP532-09 - Danaus plexippus [COI-SP-658]** 
Taxonomy: Arthropoda, Insecta, Lepidoptera, Nymphalidae, Danaus
 Identifiers: MAL-02626[sample], L-86373[field], L-86373[museum]
 Depository: El Colegio de la Frontera Sur
 Collected in: Mexico, Yucatan
- LYPAP533-09 - Danaus plexippus [COI-SP-658]** 
Taxonomy: Arthropoda, Insecta, Lepidoptera, Nymphalidae, Danaus
 Identifiers: MAL-02627[sample], L-59793[field], L-59793[museum]
 Depository: El Colegio de la Frontera Sur
 Collected in: Mexico, Quintana Roo
- LYPAP534-09 - Danaus plexippus [COI-SP-658]** 
Taxonomy: Arthropoda, Insecta, Lepidoptera, Nymphalidae, Danaus
 Identifiers: MAL-02628[sample], L-43799[field], L-43799[museum]
 Depository: El Colegio de la Frontera Sur
 Collected in: Mexico, Quintana Roo
- LYPAP535-09 - Danaus plexippus [COI-SP-548]** 
Taxonomy: Arthropoda, Insecta, Lepidoptera, Nymphalidae, Danaus
 Identifiers: MAL-02629[sample], L-77226[field], L-77226[museum]
 Depository: El Colegio de la Frontera Sur
 Collected in: Mexico, Quintana Roo
- LYPAP536-09 - Danaus plexippus [COI-SP-588]** 
Taxonomy: Arthropoda, Insecta, Lepidoptera, Nymphalidae, Danaus
 Identifiers: MAL-02630[sample], L-31977[field], L-31977[museum]
 Depository: El Colegio de la Frontera Sur
 Collected in: Mexico, Campeche
- LYPAP537-09 - Danaus plexippus [COI-SP-644]** 
Taxonomy: Arthropoda, Insecta, Lepidoptera, Nymphalidae, Danaus
 Identifiers: MAL-02631[sample], L-40175[field], L-40175[museum]
 Depository: El Colegio de la Frontera Sur
 Collected in: Mexico, Campeche, Calakmul
- LYPAP539-09 - Danaus plexippus [COI-SP-621]** 
Taxonomy: Arthropoda, Insecta, Lepidoptera, Nymphalidae, Danaus
 Identifiers: MAL-02633[sample], L-25718[field], L-25718[museum]
 Depository: El Colegio de la Frontera Sur
 Collected in: Mexico, Campeche
- MHAAC200-06 - Danaus plexippus [COI-SP-658]** 
Taxonomy: Arthropoda, Insecta, Lepidoptera, Nymphalidae, Danaus
 Identifiers: 05-SRNP-43782[sample], 05-SRNP-43782[field], 05-SRNP-43782[museum]
 Depository: University of Pennsylvania
 Collected in: Costa Rica, Alajuela, Area de Conservacion Guanacaste
- MHACG727-09 - Danaus plexippus [COI-SP-874]** 
Taxonomy: Arthropoda, Insecta, Lepidoptera, Nymphalidae, Danaus
 Identifiers: 01-SRNP-25029[sample], 01-SRNP-25029[field], 01-SRNP-25029[museum]
 Depository: University of Pennsylvania
 Collected in: Costa Rica, Alajuela, Area de Conservacion Guanacaste

Found 40 published records, forming 1 BINs (clusters), with specimens from 2 countries, deposited in 6 institutions.

Of these records, 40 have species names, and represent 1 species.

Specimen Distribution:



Data Summary:



Fonte: <http://www.boldsystems.org/>

De acordo com o sequenciamento de DNA é o processo realizado para se determinar a sequência exata de nucleotídeos em uma molécula de DNA (ácido desoxirribonucleico). Isso significa que, ao sequenciar um fragmento de DNA, será possível conhecer a ordem em que as quatro bases nucleotídicas (Adenina, Guanina, Citosina e Timina) ocorrem nessa molécula de ácido nucleico. A sequência de nucleotídeos é a base para o conhecimento de um gene ou genoma, pois contém informações hereditárias e bioquímicas da vida. Por meio dela, é possível compreender células e organismos, em relação a composição e estrutura.

O sequenciamento do DNA foi fundamental para que as informações genéticas começassem a ser desvendadas. Por essa razão, é indispensável para a pesquisa biológica (*Blog Biometrix Diagnostica*).

A IMPORTÂNCIA DO SEQUENCIAMENTO DE BASES, NO CONTEXTO

O *Blog Neoprospecta* (Conheça 7 Aplicações do Sequenciamento de DNA 16/01/2018 , Sequenciamento Genômico) relata que uma das aplicações do sequenciamento de DNA é feita para a verificação de fraude em alimentos, como a presença de carne de cavalo em produtos alimentícios na Europa, DNA de porco em produtos rotulados como sendo bovinos, dentre outros casos. O sequenciamento do DNA do indivíduo, indica claramente a composição genética do mesmo, por isso alimentos de origem animal e vegetal sequenciados, podem revelar possíveis fraudes ou adulterações nos alimentos.

Onde está a fauna brasileira? Panorama do tráfico de animais revela futuro preocupante

Terceira maior atividade ilegal do mundo, a prática é responsável por tirar da natureza 38 milhões de silvestres do Brasil por ano.

Por Giulia Bucheroni 24/06/2019



Panorama do tráfico de animais silvestres no Brasil — Foto: Arte/TG

Brasil. A casa para o maior número de espécies animais do mundo é também a principal área de captura e comércio ilegal da vida silvestre.

Considerado a terceira maior atividade ilícita, depois das armas e das drogas, o tráfico de animais movimentado pelo menos 10 bilhões de dólares por ano. E é do Brasil que grande parte das espécies é retirada.

De acordo com o coordenador geral da Rede Nacional de Combate ao Tráfico de Animais Silvestres (Renctas), Dener Giovanini, os países com maior variedade de espécies animais são os preferidos pelas quadrilhas e organizações criminosas, tanto para exportação quanto para o comércio nacional.

“Grande parte dos animais capturados ilegalmente são vendidos aqui no País, mas outra parte considerável abastece os mercados internacionais”, diz.

De cada 100 animais, pelo menos 70% são comercializados no Brasil. Tido como um importante fornecedor para o tráfico internacional, **o Brasil passou a se destacar também**

pela **importação ilegal de espécies**. “O interesse por serpentes, aranhas e escorpiões como animais de criação tem aumentado o número de importações”, explica Dener, que alerta para

uma séria consequência ambiental. “A **inevitável disseminação de espécies invasoras podem causar graves problemas pro País**”, completa.

TIPOS DE TRÁFICO

- 1 ANIMAIS PARA COLECIONADORES PARTICULARES**
Quanto mais raro for o animal, maior é o seu valor de mercado
- 2 ANIMAIS PARA FINS CIENTÍFICOS**
Espécies fornecem substâncias químicas, que servem como base para a pesquisa e produção de medicamentos
- 3 ANIMAIS PET**
Modalidade que mais incentiva o tráfico de animais silvestres no Brasil
- 4 PRODUTOS DE FAUNA**
Couros, peles, penas, garras e presas são vendidos para o mercado de moda e souvenir para turistas

Fonte: RENTAS

Os países com maior biodiversidade são os principais alvos das quadrilhas — Foto: Arte/TG

A fauna exótica introduzida pode se tornar invasiva, conquistar áreas muito maiores do que as previstas, suprimir a fauna nativa e transmitir novas doenças. Mais de 180 tipos de zoonoses transmitidas por animais já são conhecidas.

Estado de alerta

Além dos problemas sanitários e dos riscos com espécies invasoras, o tráfico de silvestres ameaça a sobrevivência dos ecossistemas.

Só no Brasil, 38 milhões de animais são retirados da natureza por ano. Por isso, a caça para subsistência ou comércio ilegal é a segunda principal ameaça à fauna brasileira, após a perda do habitat.

“Toda a questão ambiental do Brasil é muito preocupante. Ameaças, como a perda de cobertura vegetal e a diminuição das áreas de conservação, devem fazer parte de uma agenda onde as ações sejam interligadas”, destaca Dener, que entende a necessidade de estratégias eficientes para ações de fiscalização.



O estresse emocional é uma das consequências dos maus tratos durante a captura ilegal — Foto: Arquivo TG

Na luta contra a ilegalidade

Os esforços para mudar esse cenário, porém, apresentam resultados: desde 2000, as equipes da Renctas – uma instituição sem fins lucrativos -, elaboram ações e estratégias contra o comércio ilegal da fauna brasileira, produzindo dados e diagnósticos sobre a prática e capacitando forças de fiscalização.

Além disso, campanhas de educação ambiental motivam a sociedade a lutar pelo combate da prática ilegal. “Antigamente o comércio de animais era corriqueiro. Era comum encontrar espécimes à venda em feiras livres, por exemplo. Depois de todos esses anos de trabalho de conscientização, as pessoas passaram a entender que isso não é normal e que a sociedade não deveria tolerar uma prática que trazia tantos prejuízos”, comenta o especialista.

“Infelizmente o Brasil sempre tolerou o tráfico de animais, porque existiam pouquíssimas informações sobre a prática. Hoje, as pessoas denunciam e repreendem os traficantes. Isso é um grande feito, talvez o maior sucesso da Renctas na história do País”, completa.

ROTA DO TRÁFICO

Países exportadores
Brasil, Peru, Argentina, Guiana, Venezuela, Paraguai, Bolívia, Colômbia, África do Sul, Zaire, Tanzânia, Kenya, Senegal, Camarões, Madagascar, Índia, Vietnã, Malásia, Indonésia, China e Rússia

Países consumidores
Estados Unidos (maior consumidor de vida silvestre do mundo), Alemanha, Holanda, Bélgica, França, Inglaterra, Suíça, Grécia, Bulgária, Arábia Saudita e Japão

contrabando

- bagagens de mão e malas
- roupas e carros
- container
- correio

a maior parte é escoada por via terrestre, pelas rodovias: caminhões, ônibus e carros particulares

TRÁFICO NO BRASIL

A maioria dos animais silvestres comercializados ilegalmente é proveniente das regiões Norte, Nordeste e Centro-Oeste, sendo escoada para as regiões Sul e Sudeste, pelas rodovias federais

Estrutura social do tráfico

fornecedores

intermediários

consumidores

peças que transitam entre as zonas rurais e os centros urbanos até pequenos e médios traficantes, que fazem a conexão com os grandes traficantes

Fonte: Relatório Nacional sobre o Tráfico de Fauna Silvestre | RENCTAS

Foco do tráfico

“A maior parte dos animais traficados no Brasil são as aves, seja pelo belo canto, como o trinca-ferro, bicudo e canário-da-terra, ou pela bela plumagem. No entanto, eu diria que todos os animais da nossa biodiversidade são vulneráveis ao tráfico”, explica o coordenador.

Além das aves, oferecidas como animais de estimação ou para venda das penas, a lista conta com as tartarugas, consideradas iguarias culinárias; jabutis, comercializados para colecionadores; e diversos mamíferos. “Os primatas em geral também são muito procurados, principalmente como animais de companhia”, conta.

De acordo com o levantamento de dados feito pela Renctas, as espécies também são traficadas para comercialização do couro, principalmente das lontras e dos felinos; para pesquisas científicas ilegais e para colecionadores.

A retirada das espécies prejudica a dispersão de sementes e afeta no equilíbrio das florestas — “O tráfico para colecionadores particulares talvez seja o mais cruel e prejudicial, porque visa as espécies mais ameaçadas de extinção. Quanto mais ameaçado for um animal, mais procurado ele se torna”, comenta o coordenador da ONG.

Vítimas do tráfico, os répteis também são explorados das mais diversas formas: além da comercialização do **couro das serpentes e dos jacarés para produção de sapatos, cintos e artigos de moda, os animais são vendidos como pets e para pesquisas biomédicas.**

A jiboia é uma das cinco espécies mais comercializadas, sendo a cobra mais popular como animal de estimação nos Estados Unidos. As cobras venenosas, como as jararacas, são de grande valor para o mercado biomédico

Chamado de **biopirataria, o tráfico de animais para fins científicos** também é comum nessa “cadeia de ilegalidades”, onde substâncias químicas de serpentes, sapos, aranhas e besouros são aproveitadas para pesquisas ilegais e produção de medicamentos.

Entre os tipos de tráfico existe ainda a venda ilegal para ‘produtos de fauna’, quando o couro, peles, penas, garras e presas são comercializados para o mercado da moda. É o caso das borboletas, utilizadas para artigos de decoração como quadros, tampas de vaso sanitário e brincos, por exemplo.

A prática é responsável por aumentar ainda mais as estatísticas negativas do tráfico ilegal: é estimado que para cada produto animal, pelo menos três espécimes são sacrificados. Os números pioram quando os bichos vivos são comercializados. Estima-se que de 10 animais traficados apenas um sobreviva.

O alto índice de mortalidade é resultado dos maus tratos e das precárias condições oferecidas durante a captura e transporte das espécies. Muitas vezes os animais se ferem ao tentar fugir, sofrem com estresse emocional ou são descartados quando apresentam problemas na pele.

ESPÉCIES



As aves são os animais mais encontrados no comércio ilegal. Pelo menos **2 milhões** de espécimes estão envolvidos no mercado mundial anualmente

Pela beleza, docilidade e habilidade de imitar a voz humana, os psitacídeos são as aves mais populares e procuradas como animal de estimação no mundo, atrás apenas dos cachorros e gatos



As garças foram muito perseguidas para o comércio das penas. Pelo alto valor comercial, elas eram chamadas de 'ouro branco'

A maior figura no comércio de produtos de fauna é a pele de répteis, tanto em quantidade como em valor monetário



Nas décadas de 50 e 60, de 5 a 10 milhões de peles de crocodilianos foram vendidas no mercado mundial

Outro setor que ameaça diversas espécies de répteis é a utilização em pesquisas biomédicas ilegais



Fonte: RENCTAS

Na lista constam ainda mamíferos, anfíbios, insetos e peixes — Foto: Arte/TG

Extinção

A quantidade de animais retirados da natureza para venda ilegal naturalmente interfere no status de conservação das espécies.

“De maneira geral o tráfico compõe uma cadeia de diversos fatores que vão aumentando ainda mais a vulnerabilidade das espécies”, comenta Dener.

A rotina de captura ilegal também interfere no desenvolvimento das espécies: os pássaros canoros, por exemplo, são retirados no período reprodutivo. Além disso, muitos animais são capturados ainda filhotes, o que reduz o número de jovens nas populações.

Se o nível de exploração exceder à capacidade natural de reposição das populações selvagens, estas tendem a desaparecer ao longo dos tempos

Junto à extinção da fauna, todo o ecossistema sofre com o ciclo do tráfico. A diminuição das espécies predadoras de sementes favorece a dominância de algumas árvores, assim como a ausência de dispersores afeta a reprodução da flora. Dessa forma, toda estrutura da floresta é alterada.

Fonte: <https://g1.globo.com/sp/campinas-regiao/terra-da-gente/noticia/2019/06/24/onde-esta-a-fauna-brasileira-panorama-do-trafico-de-animais-revela-futuro-preocupante.ghtml>

Canadian Innovation – DNA Barcoding

Poster created by Donald A. Wilson S.S.
BioTech. Club in partnership with:



A Fishy Tail

Can you distinguish between these two fish fillets?



It may be nearly impossible to determine fish species once their scales have been removed, but thanks to researchers at the University of Guelph, species can be identified using DNA. This technique, called DNA barcoding, enables regulatory bodies to identify fish that are sold in markets.

Scan the QR code next to each fillet to see a portion of its genetic code and match the fillets to the fish.



The FISH-BOL Project

Through a division of the International Barcode of Life, called FISH-BOL, Ontario high school students used DNA barcoding to determine that 25% of fish fillets sold were mislabeled. In every case, less expensive fish were marketed as more expensive varieties. In some cases, protected species were being sold and there were potential health implications for humans.

An excellent reference for consumers to make environmentally-conscious decisions in the fish they buy is Seafoodwatch.org. Thanks to DNA barcoding, the "tide is turning" on consumer fraud and consumer's choices are being respected.

The Toronto Zoo is a partner of the Monterey Aquarium Seafood Watch program. This is an initiative to promote consumers and businesses to select ocean-friendly seafood options. With approximately 85% of the world's fisheries overfished, or fished to capacity, it is important for consumers to make purchases that are sustainable and help to conserve diminishing fish populations around the world.



(Border created by DNA barcode of Red Snapper)



Canadian Innovation – DNA Barcoding

Poster created by Donald A. Wilson S.S.
BioTech. Club in partnership with:



DNA Barcoding in the Protection of Biodiversity

DNA Barcoding is a process that allows us to easily identify and differentiate between species. The DNA Barcode consists of a short DNA sequence of about 650 base pairs. Various species have differences in their barcoding regions; this allows scientists to be able to tell them apart.

Tracking Global Trade in Exotic Wildlife



Biological diversity is a valuable and vulnerable resource that is unfortunately all too often mistreated. An example of this is the illegal trade of meat and other animal products on the black market. One of the numerous applications of DNA Barcoding is to combat this crime against biodiversity.

Biotechnology Targets Poachers

Similar to the procedure of DNA fingerprinting being used to solve crimes, the process of DNA barcoding can be used to identify protected species that are being sold and transported on the black market. Horns, hides tanned into leather, and meat can be identified by species and sometimes a region of origin can be determined.

Identifying products that are being sourced from a particular species allows organizations to better protect the animals. This targets areas that are responsible for the trafficking of products and poaching of species.



Loss of Turtles and Crocodillians

Bushmeat, which is illegally hunted wildlife, is the primary reason for the loss of turtles and crocodillians in



(Border created by DNA barcode of a White River)



Skins and meat are identified through DNA barcodes.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BRASIL. **Lei Nº 9.605**, de 12 de fevereiro de 1998. Dispõe sobre as sanções penais e administrativas derivadas de condutas e atividades lesivas ao meio ambiente, e dá outras providências. Brasília. DOU de 13.2.1998.

CAMILA, P.A.S; AMORIM, A. P.S.; ALVES, J.J.; TCHAICKA, L. **Código de Barras de DNA: uma atividade para entender a identificação de espécies**. Revista Genética na Escola | Vol. 10, Nº 1, 2015

CARBONARO, T.M. 2011.**GENÉTICA DA CONSERVAÇÃO**. Disponível em:<https://geneticavirtual.webnode.com.br/genetica-virtual-home/topicos-extras/genetica%20de%20conserva%20a7%20a3o/> acesso em 12 /03/ 2018.

CARVALHO, N.R., CÂNDIDO, I.M., QUEIROZ, P. **Potenciais de uso forense do DNA mitocondrial**. Disponível em: <http://www.cpgls.pucgoias.edu.br/8mostra/Artigos/SAUDE%20E%20BIOLOGICAS/Potenciais%20de%20uso%20forense%20do%20DNA%20mitocondrial.pdf> .Acesso em 29/05/2018.

Convenção sobre Diversidade Biológica. Conferência das Nações Unidas sobre Meio Ambiente e Desenvolvimento realizada na cidade do Rio de Janeiro, 1992.

FERREIRA, J.M. **Contribuição da genética de populações à investigação sobre o tráfico de fauna no Brasil: desenvolvimento de microssatélites e análise da estrutura genética em Paroaria dominicana e Saltatorsimilis (Aves: Passeriformes: Thraupidae)**.Disponível em: <http://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/41/41131/tde-17122012-200300/es.php>.Acesso em 15/04/2018.

GARRIDO,R.G., RODRIGUES,E.L. **CONTRIBUIÇÕES DA BIOLOGIA MOLECULAR PARA A PROTEÇÃO ANIMAL E A INVESTIGAÇÃO DOS CRIMES CONTRA A FAUNA**. Disponível em: <http://apl.unisuam.edu.br/revistas/index.php/Semioses/article/viewFile/1981996X.2017v11n4p32/961>. Acesso em 29/05/2019.

GERASIMENKO, T. **Código de barras da vida acelera identificação das espécies**. Disponível em: <https://veja.abril.com.br/ciencia/codigo-de-barras-da-vida-acelera-identificacao-das-especies/>.Acesso em 18 /05/2018.

GRENS, K. **The story of a group of high school students who, with the help of a Rockefeller University researcher, conducted and published studies on the biological provenance of sushi and teas from around New York City**. Disponível em <https://www.the-scientist.com/notebook/barcode-high-41651> .Acesso em 20/12/ 2017.

HARRISON, R.G. 1989. Animal mtDNA as a genetic marker in population and evolutionary biology. **Trends Ecology and Evolution** 4, p. 6-11,1989

HEBERT, P. D. N.; RATNASINGHAM, S.; DEWAARD, J. R. **Barcoding animal life:**

cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. Proc. R. Soc. Lond., v. 270, (Suppl. B), p. S96–S99, 2003.

KOSMANN, C. CÓDIGO DE BARRAS (DNA *BARCODE*) DE DíPTEROS DE INTERESSE FORENSE. Disponível em :
https://www.researchgate.net/profile/Cecilia_Kosmann/publication/26980746_Codigo_de_barras_DNA_barcode_de_dipteros_de_interesse_forense/links/0c9605213846db078500000/Codigo-de-barras-DNA-barcode-de-dipteros-de-interesse-forense.pdf. Acesso em 20/02/2018.

MIYAKI, C.Y. Identificação de espécies de aves da Mata Atlântica baseada na sequência de DNA do gene mitocondrial Citocromo oxidase I: avaliação do potencial de um sistema de identificação molecular de aves. Disponível em:
<https://bv.fapesp.br/pt/auxilios/29766/identificacao-de-especies-de-aves-da-mata-atlantica-baseada-na-sequencia-de-dna-do-gene-mitocondrial/>. Acesso em 15/04/2018

PINTO, L.B.; CAPUTO, I.G.C.; PEREIRA, M.M.I. Importância do DNA em Investigações Forenses: Análise de DNA Mitocondrial. Disponível em:
<http://www.ipebj.com.br/forensicjournal/edicoes?volume=6&numero=1&artigo=237>. Acesso em: 10/01/2018.

SANTOS, V.S. Biologia Forense. Disponível em :
<https://brasilecola.uol.com.br/biologia/biologia-forense.htm>. Acesso em 17 de abril de 2018.

SANTOS, F.R.; LACERDA, D. R; REDONDO, R.A.F. TECNOLOGIAS GENÔMICAS NA CONSERVAÇÃO DA BIODIVERSIDADE. Disponível em :
<http://labs.icb.ufmg.br/lbem/pdf/santosetal2004bj.pdf>. Acesso: 26/05/2019.

Sequenciamento de DNA: Desvendando o código da vida .Disponível em: em
<http://www.biometrix.com.br/sequenciamento-dna-desvendando-codigo-da-vida/>. Acesso em: 25/04/2019.