

APLICAÇÃO DE MODELO DIDÁTICO DE CADEIAS DE DNA DE PRODUTOS ALIMENTARES VEGETAIS PARA VERIFICAR SE NAS INFORMAÇÕES DE SEUS MATERIAIS GENÉTICOS EXISTEM TRECHOS DE NUCLEOTÍDEOS EXÓGENOS QUE POSSA CARACTERIZAR PROVAS DE MANIPULAÇÃO GENÉTICA

Mauro Osvaldo Medeiros¹
Sueli Maria Alves¹
Marcelo Teiji Kimura²

RESUMO: Proporcionar aos estudantes um conhecimento mais aprofundado sobre assuntos relacionados à produção de alimentos geneticamente modificados é de grande valia para que eles se apropriem das ferramentas culturais e assumam uma postura crítica e reflexiva sobre o papel destes produtos e da própria ciência em sua qualidade de vida. Deste modo, este trabalho teve como objetivo criar subsídios para a fixação de conceitos teóricos necessários aos licenciandos; despertar o interesse dos estudantes pela biotecnologia, em particular a Genética e a Biologia Molecular e, assim, contribuir para o desenvolvimento dos alunos do curso de Licenciatura em Ciências Biológicas da UFR/MT. Para tal, foi aplicado uma atividade que consistiu numa simulação prática de uma análise genética para identificação molecular relacionada a modificações sofridas por um grupo fictício de produtos vegetais em seu material genético, as quais poderiam ter recebido trechos de DNA da bactéria inseticida *Bacillus thuringiensis* (Bt) que são capazes de produzir proteínas que conferem às plantas resistência ao ataque de pragas. Foi constatado que o recurso didático contribuiu de forma significativa no processo de ensino e aprendizagem, principalmente na construção do conhecimento sobre a aplicabilidade das enzimas de restrição e da eletroforese na investigação forense. Espera-se que atividades com esse tipo de metodologia sejam mais abordadas e praticadas, de forma que torne o ensino de genética mais motivador e dinâmico, atraindo ainda mais a curiosidade dos alunos os tornando mais presentes nas salas de aula.

Palavras-chave: Ensino de Biotecnologia. Enzima de restrição. Organismo Geneticamente Modificado

APPLICATION OF A DIDACTIC MODEL OF DNA CHAINS FROM PLANT FOOD PRODUCTS TO VERIFY IF IN THE INFORMATION OF THEIR GENETIC MATERIALS THERE ARE EXOGENOUS NUCLEOTIDE SNAPCHES THAT CAN CHARACTERIZE EVIDENCE OF GENETIC MANIPULATION

ABSTRACT: Providing students with a more in-depth knowledge of issues related to the production of genetically modified foods is of great value for them to appropriate cultural tools and assume a critical and reflective stance on the role of these products and of science itself in its quality of life. In this way, this work aimed to create subsidies for the establishment of theoretical concepts necessary for the licensees; arouse students' interest in biotechnology, in particular Genetics and Molecular Biology, and thus contribute to the development of students in the Bachelor's Degree in Biological Sciences at UFR/MT. To this end, an activity was applied that consisted of a practical simulation of a genetic analysis for molecular identification related to modifications undergone by a fictitious group of plant products in their genetic material, which could have received stretches of DNA from the insecticidal bacterium *Bacillus thuringiensis* (Bt) that are capable of producing proteins that give plants resistance to pest attack. It was verified that the didactic resource contributed significantly in the teaching and learning process, mainly in the construction of knowledge about the applicability of restriction enzymes and electrophoresis in forensic investigation. It is expected that activities with this type of methodology will be more approached and practiced, in a way that makes the teaching of genetics more motivating and dynamic, attracting even more the curiosity of the students, making them present in the classrooms.

Keywords: Teaching of Biotechnology. restriction enzyme. Genetically Modified Organism

¹Professor Associado do Dep. Biologia ICEN/CUR/UFMT: mauroosvaldo@bol.com.br; sumalves@yahoo.com.br;

²Biólogo, Rondonópolis, MT: marcelokimura99@gmail.com

INTRODUÇÃO

Assuntos relacionados à biotecnologia são, por natureza, carregados de temas geradores de discussões sobre os princípios éticos do uso destas tecnologias e as consequências para o futuro da espécie humana e da natureza (GARCIA & CHAMAS, 1996). Portanto, considera-se que compreender a genética é de fundamental importância, tendo em vista que vivemos em uma sociedade movida pelo desenvolvimento de novas técnicas visando uma maior produção e melhores produtos. Assim, vários produtos apresentam em seus rótulos, conceitos relacionados a aplicação da genética. Porém, essas aplicações por serem relacionadas ao DNA, causam muitas discussões sobre as suas vantagens e desvantagens. Desta forma, proporcionar aos estudantes um conhecimento mais aprofundado sobre assuntos relacionados à produção de alimentos geneticamente modificados é de grande valia para que eles se apropriem das ferramentas culturais e assumam uma postura crítica e reflexiva sobre o papel destes produtos e da própria ciência em sua qualidade de vida.

O emprego da biotecnologia do DNA, em diversas áreas, engloba um conjunto de ações, as quais despertam dúvidas e rejeições dos produtos gerados por esta inovação tecnológica, pois, ao se tratar de um avanço tecnológico recente, as interferências religiosas, culturais e científicas estão presentes.

O pouco conhecimento científico provoca uma visão distorcida dos fatos, pois a compreensão desses assuntos depende de um conjunto de informações que são discutidas no âmbito da disciplina de Biologia, sobretudo no que se refere ao conteúdo de genética. Portanto, atividades investigativas envolvendo o assunto alimentos geneticamente modificados podem ser estrategicamente aplicados como um eixo integrador de temas que envolvem biologia molecular, genética, tecnologia e sociedade. Sugestivamente a atividade desenvolvida abre portas para a prática da interdisciplinaridade, permitindo uma interface entre a biologia e a tecnologia. No processo penal a genética ganha cada dia que passa mais abrangência ao ponto de se tornar imprescindível para provar a autoria de alguns crimes.

Desse modo, é interessante salientar que a introdução dos Organismo Geneticamente Modificado (OGM) na produção e comercialização de alimentos tem gerado um intenso debate em diversas sociedades acerca dos riscos e da necessidade de fornecer informações ao consumidor quanto a presença destes nos alimentos. Assim, as técnicas de detecção de alimentos transgênicos vêm sendo aprimoradas, a fim de identificar eventos de OGM, ou eventuais contaminações na cadeia produtiva.

Pela legislação brasileira, Organismo Geneticamente Modificado (OGM) é definido como sendo o organismo cujo material genético tenha sido modificado por diversos métodos de transformação de engenharia genética (BRASIL, 2005). Vários métodos de transformação são utilizados para a transferência de DNA recombinante para a produção de um OGM.

As variedades transgênicas resistentes a insetos mais populares entre agricultores são as de milho, algodão e batata. Conhecidas como Bt, a planta produz seu próprio inseticida e o inseto que a infesta morre, quando dela se alimenta. Esse efeito é obtido introduzindo nas plantas material genético de uma bactéria de solo, *Bacillus thuringiensis*, daí o nome “Bt”, que produz naturalmente uma toxina capaz de destruir o aparelho digestivo de insetos. Isolado o gene responsável pela produção da toxina da bactéria *B. thuringiensis*, este é introduzido em células do vegetal-alvo por meio de outra bactéria, *Agrobacterium tumefaciens*, que tem a capacidade de agregar DNA para dentro de seu núcleo (BARDAU-PIEDNOIR et al, 2010). Este fato vem trazendo preocupação quanto à segurança alimentar, pois os conhecimentos científicos sobre as implicações e impactos da liberação em larga escala de plantas transgênicas para o cultivo comercial é ainda insuficiente (MAZZA et al., 2005).

A participação dos laboratórios de saúde pública brasileiros na análise de OGM em alimentos iniciou-se após a ocorrência, no ano 2000, de denúncias de institutos de defesa do

consumidor de que produtos alimentícios continham soja transgênica, o que era proibido na época. O Instituto Nacional de Controle de Qualidade em Saúde (INCQS) passou a realizar análises de detecção de soja transgênica em 2001 e abriu portas para o surgimento de outros programas para avaliar a implementação da legislação de rotulagem e a possível presença de eventos ainda não autorizados nos produtos alimentícios contendo soja e milho (CARDARELLI et al, 2005; FERREIRA et al, 2009; BRANQUINHO et al, 2010b; BRANQUINHO, et al, 2013).

Para detectar Organismo Geneticamente Modificado (OGM), são necessários métodos analíticos. A reação da polimerização em cadeia (PCR) é o método mais comumente aplicado, sendo altamente sensível e específico para a amplificação de DNA (KAKIHARA et al., 2006; LEE et al., 2006; SHIMIZU et al., 2008; LI et al., 2011).

Para que essas invasões não se tornem rotina desrespeitosa e abusiva faz-se necessário maior disciplinamento jurídico na Lei Maior. Portanto, o direito vive momento de grande avanço com a genética, porque hoje já está sendo possível identificar com certeza quase absoluta a quem pertence determinados materiais biológico. E assim, no processo penal a genética ganha cada dia que passa mais abrangência, tendo em vista que a utilização de métodos moleculares está se tornando de extrema importância para as análises forenses, e neste caso indispensável para identificação específica e rastreabilidade da origem dos produtos vegetais, pois objetivam a produção de provas confiáveis. Desse modo, a genética forense pode auxiliar a justiça na resolução de assuntos de natureza criminosa. Assim, esse tema se torna bastante atrativo para os jovens por ser bastante comum em filmes, séries e jogos. Tais temas voltados para investigação criminal aguçam a curiosidade dos alunos e despertam os sentidos críticos e investigativos.

Deste modo, este trabalho teve como objetivo criar subsídios para a fixação de conceitos teóricos necessários aos licenciandos; despertar o interesse dos estudantes pela biotecnologia, em particular a Genética e a Biologia Molecular e, assim, contribuir para o desenvolvimento dos alunos do curso de Licenciatura em Ciências Biológicas da UFR/MT.

MATERIAL E MÉTODOS

Segundo Zabala (1998) as sequências didáticas são, um conjunto de atividades ordenadas, estruturadas e articuladas para a realização de certos objetivos educacionais, que tem princípio e fim conhecidos tanto pelos professores como pelos alunos. Essa sequência didática foi realizada na Universidade Federal do município de Rondonópolis do Estado de Mato Grosso, utilizando-se do método quanti-qualitativo de natureza estruturada, destacando a utilização das técnicas de biologia molecular para auxiliar na distinção de variedades transgênicas.

Os sujeitos de estudo foram 28 (vinte e oito) alunos do Curso de Licenciatura em Ciências Biológicas do Instituto de Ciências Exatas e Naturais, sendo 36,0% de sexo masculino e 64,0% de sexo feminino, com faixa etária entre 18 e 36 anos.

Para a resolução da atividade foi elaborado uma sequência didática dividida em duas aulas, de 50 minutos/cada. A atividade de investigação foi organizada em dois momentos, da seguinte forma:

A primeira aula (50 min) foi composta pela parte introdutória do tema abordado, de maneira que os alunos pudessem se contextualizar, compreender e envolver com o tema relacionado. E nesse sentido, os alunos foram orientados em conhecimentos teóricos de plantas que foram geneticamente modificadas e da aplicação das enzimas de restrição para o rastreamento, identificação e controle de variantes genéticas que possam estar presentes em produtos alimentares comercializados no mercado brasileiro, a fim de que os alunos adquirissem

conhecimento científico e tecnológico relacionados às diferenças que caracterizam variedades transgênicas.

Na segunda aula (50 min) foi aplicado uma atividade que consistiu numa simulação prática de uma análise genética para identificação molecular relacionada a modificações sofridas por um grupo fictício de produtos vegetais em seu material genético, as quais podem ter recebido sequências de DNA da bactéria inseticida *Bacillus thuringiensis* (Bt) que são capazes de produzir proteínas que conferem às plantas resistência ao ataque de pragas.

Apresentação da Situação-problema

A situação – problema apresentada teve como temática a biologia molecular aplicada ao uso do exame de DNA em teste de identificação de organismos naturais e geneticamente modificados. O tema foi escolhido por ser um assunto de uso comum das pessoas e por possibilitar uma correlação estreita com conhecimento científico trabalhado na disciplina de genética. Foi dada ênfase ao teste de identificação de organismos naturais e geneticamente modificados para que fossem trabalhados conceitos ligados à genética e biologia molecular, tais como, estrutura da molécula de DNA e sua localização na célula, bases da hereditariedade, enzimas de restrição, PCR e informações que envolvem temas de interesse social como a utilização de métodos moleculares de manipulação do DNA empregadas no dia-a-dia. E além disso, comentar sobre a importância da construção coletiva do conhecimento científico.

Os modelos didáticos (Figuras 1 e 2), foram elaborados visando a interdisciplinaridade. Assim, foi adotado a abordagem qualitativa e investigativa, considerando uma ação relacionada à saúde humana, onde um consumidor com fortes alergias, acusava um comerciante de fraude de venda de produtos vegetais de origem de plantas que foram geneticamente modificadas, fato que ele não admitia.

O juiz sabedor que os produtos vegetais transgênicos recebem sequências de DNA da bactéria inseticida *Bacillus thuringiensis* (Bt) que são capazes de produzir proteínas que conferem às plantas resistência ao ataque de pragas, solicitou para resolver o caso, exames de DNA.

Bacillus thuringiensis (Bt) é uma bactéria gram-positiva que produz cristais proteicos durante a fase de esporulação. Os cristais, são formados por proteínas Cry e apresentam atividade tóxica específica a determinadas classes de insetos-praga, sendo o seu uso bastante difundido na agricultura.

Assim, para a solução do caso, os alunos receberam as amostras AM: 01, 02, 03, 04 e 05 (Figura 1) e amostras AM: 06, 07, 08, 09 e 10 (Figura 2) que simulavam as sequências de DNA de determinados produtos vegetais devidamente identificados por 153 letras cada. A letra A correspondia à base Adenina, a letra T à base Timina, a letra C à base Citosina e a letra G à base Guanina.

A finalidade foi procurar ao longo da sequência de nucleotídeos de cada uma das amostras, provas forenses de manipulação gênica artificial, ou seja, uma característica ou propriedade que que foi transferido para o vegetal, adaptando-o a um propósito.

Após a aula teórica, cada aluno recebeu previamente os dois modelos didáticos que ilustrava o perfil genético de 10 alimentos (Figura 1 e 2) impresso em uma folha em papel sulfite A4 com a finalidade de identificar segmentos de DNA que foram introduzidos artificialmente a partir das técnicas de engenharia genética, no qual, os discentes poderiam se organizar em grupos ou não, para execução da atividade.

Modelo didático 1.

O modelo didático (Figura 1) foi composto por cinco amostras, sendo 4 de legumes: tomate, pimentão, berinjela, batata e uma de milho de pipoca, que o dono do mercado afirmava não ser derivados de plantas geneticamente modificadas.

AM 01	ATGAGCTCGAGCTATGAGCTCGAGCTTCGAGCTTTAGCTAGCTATGAGCTC TTCGAGCTTTAGCTTCGAGCTTTAGCTAGCTATAATTCCGGATCCCGAGCT ACGAGCTCGAGCTACGAGCTCGAGCTTCGAGCTTTAGCTAGCTACGAGCTC	
AM 02	GCTCGCTCGAGCTATGGCTCCGAGCTTCGAGCGCTCGCTAGCTATGAACTA AGCTAGCTTTAGCTTCAGCTTTAGCTAGCTAAGCTTCCGAGCTTCGAGCT GCTCGCTCGAGGATCCGCTCCGAGCTTCGAGCGCTCGCTAGCTACGAGCTC	
AM 03	TGGATGTCGAGCTGTGAGCTCGAGCTTCGAGCTTTAGCTGGCTATGAGCTG TCCGTCTTTAGTCTCGAGCTTTAGGATACTATAATTCTCAGCTTCGAGTC CGGACGTCGAGCCGCGAGCTCGAGCTTCGAGCTTTAGCCGGCTACGAGCCG	
AM 04	AGCTGCTCGAGCAGCTAGCTCGAGCTTCGAGCTTTAGCTAGCTATGAAGCT GAGCAGCTTTAGGAGCGAGCTTTAGCTAGCTATAATTCCGAGCTTCGGAGC AGCTGCTCGAGCAGCTAGCTCGAGCTTCGAGCTTTAGGATCCTACGAAGCT	
AM 05	CAGCGCTCGAGCTATGAGCAGCTGCTTCGAGCAGCTGCTAGCTATGACAGC AGAGAGCTTTAGCTTCGAGGAGCAGGATCCTAGAGCTCCGAGCTTCGAGAG CAGCGCTCGAGCTACGAGCAGCTGCTTCGAGCAGCTGCTAGCTACGACAGC	

Figura 1. Seguimentos demonstrativo de DNA de produtos vegetais para verificar se nas informações contidas nos seus materiais genéticos, existem adição de trechos de nucleotídeos exógenos que possa caracterizar provas de manipulação genética.

Modelo didático 2.

O modelo didático (Figura 2) está ilustrando cinco amostras de frutas: melancia, manga, maçã, pera e morango, todas em que o dono do mercado afirmava não ser derivados de plantas geneticamente modificadas.

AM 06	ATGAGCTCGAGCTATGAGCTCGAGCTTCGAGCTTTAGCTAGCTATGAGCTC TTCGAGCTTTAGCTTCGAGCTTTAGCTAGCTATAATTCCGAATCCCGAGCT ACGGATACGAGCTACGAGCTCGAGCTTCGAGCTTTAGCTAGCTACGAGCTC	
AM 07	CTTCGCTCGAGCTATGGCTCTTCGCTTCGAGCGCTCGCTAGCTATGCTTCG GCTAGGCTTTAGCTTCAGCGCTAGGCTAGCTAAGCTTCCGAGCTTCGCTAG CTTCGCTCGATGATCCGCTCTTCGCTTCGAGCGCTCGCTAGCTACGCTTCG	
AM 08	TGGATCTTCGGCTGTGAGCCTTCGCTTCGACTTCGAGCTGGCTATGAGCTG TCCGTGCTAGAGTCTCGAGGCTAGGATCCGCTAGTTCTCAGCTTCGAGTC CGGACCTTCGGCCGCGAGCCTTCGCTTCGAGCTTTAGCCGGCTACGAGCCG	
AM 09	AGCTGCTCGAGCAGCTAGCTCGAGCTTCGAGCTTTAGCTAGCTATGAAGCT GAGCAGCTTTAGGAGCGAGCTTTAGCTAGCTATAATTCCGAGCTTCGGAGC AGCTGCTCGAGCAGCTAGCTCGAGCTTCGAGCTTTAGGATACTACGAAGCT	
AM 10	CAGCGCTCGAGCGGATCCCAGCTGCTTCGAGCAGCTGCTAGCTATGACAGC AGAGAGCTTTAGCTTCGAGGAGCAGGATGCTAGAGCTCCGAGCTTCGAGAG CAGCGCTCGAGCTACGAGCAGCTGCTTCGAGCAGCTGCTAGCTACGACAGC	

Figura 2. Seguimentos demonstrativo de DNA de produtos vegetais para verificar se nas informações contidas nos seus materiais genéticos, existem adição de trechos de nucleotídeos exógenos que possa caracterizar provas de manipulação genética.

Aplicabilidade da enzima de restrição *Bam* HI na investigação forense

Após sequenciar e organizar a ordem das bases nitrogenadas no DNA de um determinado organismo é preciso efetuar uma varredura neste em busca das sequências de nucleotídeos correspondentes a região de interesse. Assim, nos casos das amostras das Figuras 1 e 2, a análise da adição de genes exógenos que transforma plantas convencionais em plantas geneticamente modificadas poderá ser feita através da utilização de enzimas de restrição.

Nesse caso, Figuras 1 e 2, os produtos naturais ou geneticamente modificados poderão ser reconhecidos quando o material genético das suas amostras for colocado em contato com a enzima de restrição *Bam* HI que é capaz de reconhecer uma sequência específica de nucleotídeos, com a combinação de “letras” GGATCC ao longo da cadeia do DNA, permitindo a identificação simbólica dos alimentos que foram artificialmente modificados geneticamente. Para isso, quando a sequência GGATCC fosse encontrada, os alunos deveriam destacar, colorindo esse fragmento de amarelo.

As enzimas de restrição reconhecem sequências específicas de bases no DNA, a alteração de um par de bases na sequência do reconhecimento pode criar ou abolir um sítio de restrição em um determinado locus do genoma, que gera um polimorfismo. Dessa forma, se a cadeia do DNA do produto vegetal for reconhecida com a enzima de restrição *Bam* HI (Figuras 3 e 5), será observado uma alteração no tamanho da cadeia da DNA. Esse tipo de procedimento é conhecido como RFLF – polimorfismo no comprimento do fragmento de restrição. Portanto, nesse caso, dependendo se o sítio de restrição da enzima *Bam* HI estiver ausente ou presente, cada produto vegetal poderá apresentar um ou dois fragmentos de restrição de DNA possíveis, que serão separados por eletroforese em gel de agarose. Desse modo, os fragmentos obtidos com a amplificação das amostras dos 10 produtos vegetais que estavam sendo comercializados foram analisados em gel. As Figuras 4 e 6 apresentam os resultados para essas 10 amostras.

RESULTADOS E DISCUSSÕES

Um dos resultados surpreendentes da biologia moderna foi a capacidade de criar Organismos Geneticamente Modificados (OGM), que são organismos vivos, cujo material genético foi alterado por meio de engenharia genética (MEYER et al., 1996; ANKLAM et al., 2002, DE ANDRADE, 2003; PETIT et al., 2003; CONCEIÇÃO et al., 2006). A modificação genética envolve a inserção de um fragmento de DNA no genoma do organismo a ser modificado, num processo designado de transformação (GACHET et al., 1999; HOLST-JENSEN, 2003; AHMED, 2002, VILJOEN et al., 2006b).

Segundo James (2011), a adição de genes exógenos tem sido frequentemente utilizada em plantas, permitindo a transformação de plantas convencionais em plantas com melhor qualidade e mais produtividade. Estas mudanças permitem as mesmas serem resistentes às pragas, tolerantes a condições ambientais adversas e produzirem variedades nutricionalmente mais enriquecidas.

Entretanto, apesar de a Engenharia Genética ser anunciada com expectativa de futuro melhor e sob a perspectiva da promessa de resolver a fome no mundo e de melhores terapias médicas, há forte evidência de que a manipulação genética pode, potencialmente, danificar irreversivelmente a biodiversidade e trazer sérios prejuízos para a sociedade. Portanto, vê-se a necessidade de fazer uma crítica, pois em muitos destes produtos podem existir propriedades que desconhecemos seu papel no corpo humano. Podendo causar danos e trazer consequências indesejáveis.

Assim, a presença crescente de culturas e produtos alimentares derivados de plantas geneticamente modificadas tem levado ao desenvolvimento de métodos de detecção capazes de distinguir entre alimentos derivados da biotecnologia e alimentos convencionais. A técnica de PCR convencional tem sido utilizada para detectar organismos geneticamente modificados (OGM) em matéria prima e em alimentos altamente processados. Portanto, todo organismo que tenha sofrido alteração do seu genoma, a prova irrefutável da modificação consiste na identificação da principal molécula alterada, ou seja, o DNA.

Na presente pesquisa, para reconhecimento dos produtos vegetais que foram comercializados com suspeita de serem de origem geneticamente modificados (Figuras 1 e 2) foi utilizado, além do DNA a ser examinado, uma enzima chamada *Bam* HI. Essa enzima que foi isolada da bactéria *Bacillus amyloliquefaciens* e nomeadas com uma sequência de quatro letras seguida por um número romano, reconhece no sequenciamento das bases da cadeia de DNA, um sitio específico de seis nucleotídeos com a seguinte sequência: GGATCC, cortando a cadeia do DNA nos locais onde esta combinação de “letras” ocorrem (G/GATCC) entre as duas guaninas.

Após a análise das cadeias do DNA das amostras dos produtos vegetais suspeitos AM: 01, 02, 03, 04 e 05 (Figura 1) e AM: 06, 07, 08, 09 e 10 (Figura 2) e para facilitar a interpretação da coleta de dados, quando em uma cadeia do DNA das amostras, fosse verificado um sitio com a combinação de sequência de bases GGATCC, os estudantes deveriam situar os sítios, colorindo de amarelo (Figuras 3 e 5).

Assim, a Figura 3, ilustra, respectivamente, as cadeias de DNA das amostras dos produtos vegetais AM: 01, 02, 03, 04 e 05, com 153 letras cada.

Para que se tornassem visíveis os locais dos sítios de restrição da enzima *Bam* HI na cadeia do DNA, os estudantes quando encontraram a combinação de sequência de bases GGATCC coloriram de amarelo

Na ordem das sequências das cadeias do DNA, amostras AM: 01, 02, 04 e 05 testadas (Figura 3), foram reconhecidos sítios da enzima de restrição *Bam* HI com a sequência de bases GGATCC. Portanto, foi observado que a maioria (n=4; 80,0%) das amostras eram portadoras de sítios da enzima de restrição *Bam* HI com a sequência de bases GGATCC no sequenciamento da cadeia do DNA, respectivamente, tomate, pimentão, batata e milho de pipoca (AM: 01, 02, 04 e 05).

AM 01	ATGAGCTCGAGCTATGAGCTCGAGCTTCGAGCTTTAGCTAGCTATGAGCTC TTCGAGCTTTAGCTTCGAGCTTTAGCTAGCTATAATTCCGGATCCCGAGCT ACGAGCTCGAGCTACGAGCTCGAGCTTCGAGCTTTAGCTAGCTACGAGCTC	
AM 02	GCTCGCTCGAGCTATGGCTCCGAGCTTCGAGCGCTCGCTAGCTATGAACTA AGCTAGCTTTAGCTTCAGCTTTTAGCTAGCTAAGCTTCCGAGCTTCGAGCT GCTCGCTCGAGGATCCGCTCCGAGCTTCGAGCGCTCGCTAGCTACGAGCTC	
AM 03	TGGATGTCGAGCTGTGAGCTCGAGCTTCGAGCTTTAGCTGGCTATGAGCTG TCCGTCCCTTTAGTCTCGAGCTTTAGGATACTATAATTCTCAGCTTCGAGTC CGGACGTCGAGCCGCGAGCTCGAGCTTCGAGCTTTAGCCGGCTACGAGCCG	
AM 04	AGCTGCTCGAGCAGCTAGCTCGAGCTTCGAGCTTTAGCTAGCTATGAAGCT GAGCAGCTTTAGGAGCGAGCTTTAGCTAGCTATAATTCCGAGCTTCGGAGC AGCTGCTCGAGCAGCTAGCTCGAGCTTCGAGCTTTAGGATCCACGAAGCT	
AM 05	CAGCGCTCGAGCTATGAGCAGCTGCTTCGAGCAGCTGCTAGCTATGACAGC AGAGAGCTTTAGCTTCGAGGAGCAGGATCCAGAGCTCCGAGCTTCGAGAG CAGCGCTCGAGCTACGAGCAGCTGCTTCGAGCAGCTGCTAGCTACGACAGC	

Figura 3. Esquema demonstrando o sequenciamento do DNA das amostras de produtos vegetais (Figura 1). Cada ponto corado em amarelo, representa a expressão de origem de plantas de variedades transgênicas






Na Tabela 1, após a análise dos dados das amostras AM: 01, 02, 03, 04 e 05, considerando desde onde começa e até onde termina a sequência do DNA, os estudantes reconheceram que a enzima de restrição *Bam* HI indicou as posições dos sítios de restrição na ordem das sequências das bases nitrogenadas em locais relacionado a sequência G/GATCC e verificaram que apenas as amostras AM: 01, 02, 04 e 05, apresentaram posições de sítios em, respectivamente, 91 pb, 113 pb, 139 pb e 76 pb (n=4; 80,0%).

Os estudantes também puderam observar que as amostras AM: 01, 02, 03, 04 e 05, apresentaram padrões de número de sítios e, de cortes na sequência do DNA de zero ou um e de bandas, uma ou duas. O padrão de zero sítios equivale ao seguimento de bases nitrogenadas desde onde começa e até onde termina a sequência do DNA e indica as ausências de posição de sítio e de número corte, uma banda e fenótipo natural. E o padrão de um sítio indica as presenças das posições dos sítios em 91 pb, 113 pb, 139 pb e 76 pb, equivalendo a um corte, duas bandas e fenótipo OGM.

Deste modo, verificou-se que a presença ou ausência dos sítios de restrição na ordem das sequências das bases nitrogenadas das amostras AM: 01, 02, 04 e 05, indicou um corte e duas bandas e fenótipos de origem OGM. Na amostra do produto vegetal 03, verificou-se a ausência de corte e uma banda e fenótipo Natural.

Assim, comparando-se as sequências fornecidas pelas amostras AM: 01, 02, 03, 04 e 05, notou-se que as amostras AM: 01, 02, 04 e 05, provavelmente pertencem a origem de produtos vegetais geneticamente modificados, pois, na ordem das sequências das bases nitrogenadas de DNA das suas amostras está representado o sítio de restrição *Bam* HI que é capaz de reconhecer a sequência GGATCC (Figura 4), permitindo a identificação simbólica das posições 91 pb, 113 pb, 139 pb e 76 pb, onde estão localizadas as modificações que caracterizam os produtos vegetais origem geneticamente modificados.

Tabela 1. Esquema demonstrando a partir do sequenciamento do DNA as posições dos sítios (pb), gerados pela enzima de restrição *Bam* HI e que permite diferenciar os produtos vegetais de origem geneticamente modificados e naturais.

Amostras					
AM:	01	02	03	04	05
Posição do sítio	91	113	—	139	76
Nº sítios <i>Bam</i> HI	1	1	0	1	1
Nº de cortes	1	1	0	1	1
Nº de bandas	2	2	1	2	2
Fenótipo	OGM	OGM	Natural	OGM	OGM

A Figura 4, ilustra de forma esquemática o resultado da análise da separação dos fragmentos por eletroforese de DNA das amostras dos produtos vegetais AM: 01, 02, 03, 04 e 05, apresentando padrões eletroforético distintos, com uma ou duas bandas, que permite identificar a origem dos produtos vegetais em natural (padrão verde) e geneticamente modificado (padrão azul).

Quando o trecho de DNA em estudo foi clivado com a enzima de restrição *Bam* HI, resultando em fragmentos de restrição de DNA que são separados por eletroforese em gel de agarose, foram identificados nove tipos de bandas (padrão): 14 pb, 40 pb, 52 pb, 76 pb, 77 pb, 91 pb, 113 pb, 139 pb e 153 pb. Esses tipos de fragmentos podem ser detectados do lado esquerdo na primeira coluna do diagrama do perfil eletroforético do DNA de cada amostra de produto vegetal, onde observa-se uma régua numerada, pelo seu tamanho relativo (Número de pb).

Na avaliação dos resultados discutido acima, o gel mostra uma banda única apenas para o produto vegetal que possui origem natural (padrão verde) permanecendo o tamanho original da sequência do DNA (153 pb). Já nos produtos vegetais em que o DNA foi clivado pela enzima de restrição, no caso, a *Bam* HI, duas bandas são visíveis no gel (padrão azul) e reconhecem os produtos com origem genética modificada. A segunda coluna ilustra por ordem de tamanho (pb) coloridas em azul ou verde os nove tipos de bandas (Padrão), distribuídos em faixas.

Nas colunas verticais seguintes das amostras 01, 02, 03, 04 e 05, as bandas se distribuem possuindo diferenças no seu comprimento. E assim, foi possível observar que no produto vegetal portador de sítio da enzima de restrição *Bam* HI com a combinação de sequência de bases GGATCC na cadeia do DNA, o sistema produzirá duas bandas padrão azul, fruto da clivagem entre as duas guaninas (G/GATCC).

O produto vegetal AM: 03, identificado por apenas um fragmento de aproximadamente 153 pb, foi utilizado como parâmetro de comparação para identificar fragmentos específico de produtos vegetais naturais.

Desse modo, em situações judiciais, as amostras (AM: 01, 02, 04 e 05) que foram identificadas por dois fragmentos, supõe-se que sejam dos produtos vegetais que tenham sido alterados geneticamente por métodos e meios que não ocorrem naturalmente. Portanto, respectivamente, tomate, pimentão, batata e milho de pipoca.

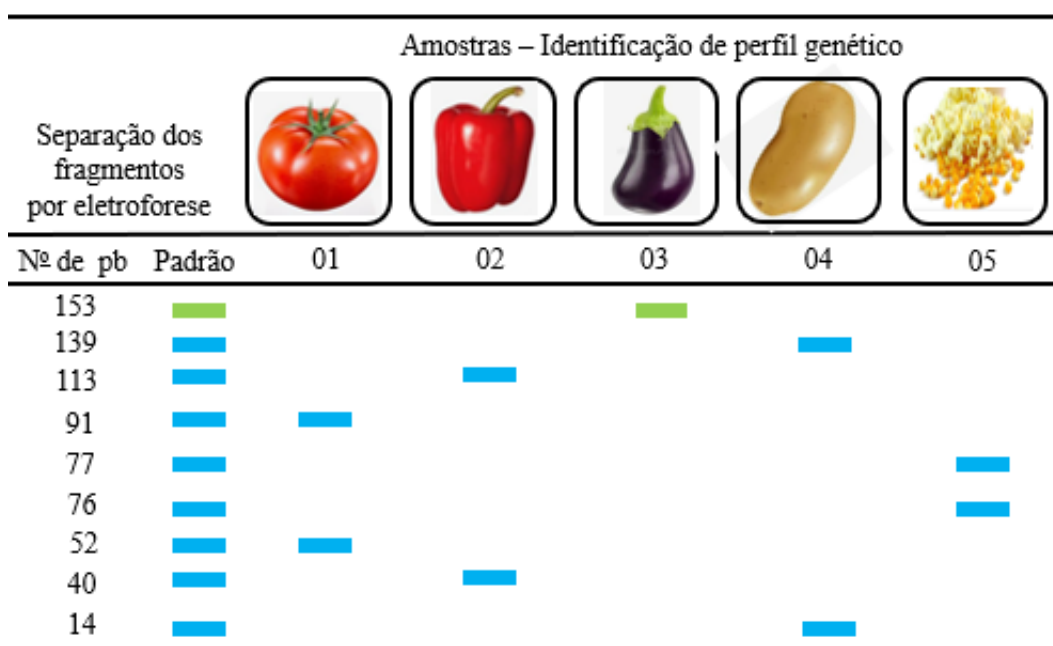


FIGURA 4. Esquema demonstrativo da eletroforese de DNA das amostras 01, 02, 03, 04 e 05. Cada padrão, também chamado de banda, representa um fragmento de DNA que permite identificar a origem dos produtos vegetais em fenótipos Geneticamente Modificado (Padrão azul) e Natural (Padrão verde).

A Figura 5, ilustra, respectivamente, as cadeias de DNA das amostras dos produtos vegetais AM: 06, 07, 08, 09 e 10, com 153 letras cada. Essas amostras eram de 5 espécies de produtos vegetais, respectivamente, melancia, manga, maçã, pera e morango.

Para que se tornassem visíveis os locais dos sítios de restrição da enzima *Bam* HI na cadeia do DNA, os estudantes quando encontraram a combinação de sequência de bases GGATCC coloriram de amarelo. Desse modo, na ordem das sequências das cadeias do DNA, amostras AM: 06, 08 e 10 testadas (Figura 5), foram reconhecidos sítios da enzima de restrição *Bam* HI com a sequência de bases GGATCC. Portanto, foi observado que a maioria (n=3; 60,0%) das amostras eram portadoras de sítios da enzima de restrição *Bam* HI com a sequência de bases GGATCC no sequenciamento da cadeia do DNA, respectivamente, melancia, maçã e morango (AM: 06, 08 e 10).

AM 06	ATGAGCTCGAGCTATGAGCTCGAGCTTCGAGCTTTAGCTAGCTATGAGCTC TTCGAGCTTTAGCTTCGAGCTTTAGCTAGCTATAATTCCGAATCCCAGCT ACGGATCCGAGCTACGAGCTCGAGCTTCGAGCTTTAGCTAGCTACGAGCTC	
AM 07	CTTCGCTCGAGCTATGGCTCTTCGCTTCGAGCGCTCGCTAGCTATGCTTCG GCTAGGCTTTAGCTTCAGCGCTAGGCTAGCTAAGCTTCCGAGCTTCGCTAG CTTCGCTCGATGATCCGCTCTTCGCTTCGAGCGCTCGCTAGCTACGCTTCG	
AM 08	TGGATCTTCGGCTGTGAGCCTTCGCTTCGACTTCGAGCTGGCTATGAGCTG TCCGTGCTAGAGTCTCGAGGCTAGGGATCCGCTAGTTCTCAGCTTCGAGTC CGGACCTTCGGCCGCGAGCCTTCGCTTCGAGCTTTAGCCGGCTACGAGCCG	
AM 09	AGCTGCTCGAGCAGCTAGCTCGAGCTTCGAGCTTTAGCTAGCTATGAAGCT GAGCAGCTTTAGGAGCGAGCTTTAGCTAGCTATAATTCCGAGCTTCGGAGC AGCTGCTCGAGCAGCTAGCTCGAGCTTCGAGCTTTAGGATACTACGAAGCT	
AM 10	CAGCGCTCGAGCGGATCCAGCTGCTTCGAGCAGCTGCTAGCTATGACAGC AGAGAGCTTTAGCTTCGAGGAGCAGGATGCTAGAGCTCCGAGCTTCGAGAG CAGCGCTCGAGCTACGAGCAGCTGCTTCGAGCAGCTGCTAGCTACGACAGC	

Figura 5. Esquema demonstrando o sequenciamento do DNA das amostras de produtos vegetais (Figura 1). Cada ponto corado em amarelo, representa a expressão de origem de plantas de variedades transgênicas






Na Tabela 2, após a análise dos dados das amostras AM: 06, 07, 08, 09 e 10, considerando desde onde começa e até onde termina a sequência do DNA, os estudantes reconheceram que a enzima de restrição *Bam* HI indicou as posições dos sítios de restrição na ordem das sequências das bases nitrogenadas em locais relacionado a sequência G/GATCC e verificaram que apenas as amostras AM: 06, 08 e 10, apresentaram posições de sítios em, respectivamente, 13 pb, 76 pb e 105 pb (n=3; 60,0%).

Os estudantes também puderam observar que as amostras AM: 06, 07, 08, 09 e 10, apresentaram padrões de número de sítios e, de cortes na sequência do DNA de zero ou um, e de bandas uma ou duas. O padrão de zero sítios equivale ao seguimento de bases nitrogenadas desde onde começa e até onde termina a sequência do DNA e indica as ausências de posição de sítio e de número corte, uma banda e fenótipo Natural. E o padrão de um sítio indica as presenças das posições dos sítio em 13 pb, 76 pb e 105 pb, equivalendo a um corte, duas bandas e fenótipo OGM.

Deste modo, verificou-se que a presença ou ausência dos sítios de restrição na ordem das sequências das bases nitrogenadas das amostras AM: 06, 08 e 10, indicou um corte e duas bandas e fenótipos de origem OGM. Nas amostras dos produtos vegetais 07 e 09, verificaram-se a ausência de corte e uma banda e fenótipo Natural.

Assim, comparando-se as sequências fornecidas pelas amostras AM: 06, 07, 08, 09 e 10, notou-se que as amostras AM: 06, 08 e 10, provavelmente pertencem a origem de produtos vegetais geneticamente modificados, pois, na ordem das sequências das bases nitrogenadas de DNA das suas amostras está representado o sítio de restrição *Bam* HI que é capaz de reconhecer a sequência GGATCC (Figura 5), permitindo a identificação simbólica das posições 13 pb, 76 pb e 105 pb, onde estão localizadas as modificações que caracterizam os produtos vegetais origem geneticamente modificados.

Tabela 2. Esquema demonstrando a partir do sequenciamento do DNA as posições dos sítios (pb), gerados pela enzima de restrição *Bam* HI e que permite diferenciar os produtos vegetais de origem geneticamente modificados e naturais.

Amostras					
AM:	06	07	08	09	10
Posição do sítio	105	—	76	—	13
Nº sítios <i>Bam</i> HI	1	0	1	0	1
Nº de cortes	1	0	1	0	1
Nº de bandas	2	1	2	1	2
Fenótipo	OGM	Natural	OGM	Natural	OGM

A Figura 6, ilustra de forma esquemática o resultado da análise da separação dos fragmentos por eletroforese de DNA das amostras dos produtos vegetais AM: 06, 07, 08, 09 e 10, apresentando padrões eletroforético distintos, com uma ou duas bandas, que permite identificar a origem dos produtos vegetais em natural (padrão verde) e geneticamente modificado (padrão azul).

Quando o trecho de DNA em estudo foi clivado com a enzima de restrição *Bam* HI, resultando em fragmentos de restrição de DNA que são separados por eletroforese em gel de agarose, foram identificados sete tipos de bandas (padrão): 13 pb, 48 pb, 76 pb, 77 pb, 105 pb, 140 pb e 153 pb. Esses tipos de fragmentos podem ser detectados do lado esquerdo na primeira coluna do diagrama do perfil eletroforético do DNA de cada amostra de produto vegetal, onde observa-se uma régua numerada, pelo seu tamanho relativo (Numero de pb).

Na avaliação dos resultados discutido acima, o gel mostra uma banda única apenas para o produto vegetal que possui origem natural (padrão verde) permanecendo o tamanho original da sequência do DNA (153 pb). Já nos produtos vegetais em que o DNA foi clivado pela enzima de restrição, no caso, a *Bam* HI, duas bandas são visíveis no gel (padrão azul) e reconhecem os produtos com origem genética modificado (OGM). A segunda coluna ilustra por ordem de tamanho (pb) coloridas em azul ou verde os nove tipos de bandas (Padrão), distribuídos em faixas.

Nas colunas verticais seguintes das amostras 06, 07, 08, 09 e 10, as bandas se distribuem possuindo diferenças no seu comprimento. E assim, foi possível observar que no produto vegetal portador de sítio da enzima de restrição *Bam* HI com a combinação de sequência de bases GGATCC na cadeia do DNA, o sistema produzirá duas bandas padrão azul, fruto da clivagem entre as duas guaninas (G/GATCC).

Os produtos vegetais AM: 07 e 09, identificado por apenas um fragmento de aproximadamente 153 pb, foram utilizados como parâmetro de comparação para identificar fragmentos específico de produtos vegetais naturais.

Desse modo, em situações judiciais, utilizando a identificação de DNA explicada acima, supõe-se que as bandas, coloridas em azul, sejam a responsável pelo reconhecimento dos produtos vegetais que tenham sido alterados geneticamente por métodos e meios que não ocorrem naturalmente (OGM), respectivamente, melancia, maçã e morango (AM: 06, 08 e 10).

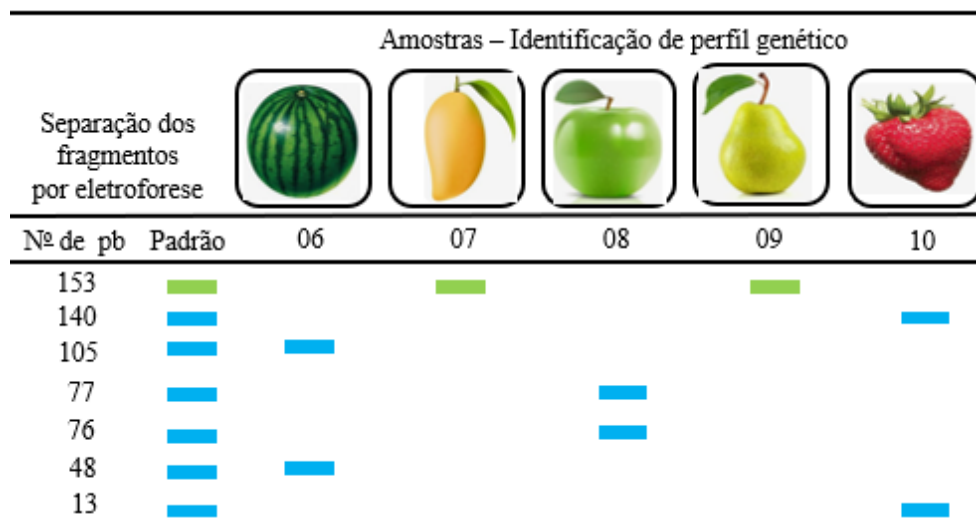


FIGURA 6. Esquema demonstrativo da eletroforese de DNA das amostras 06, 07, 08, 09 e 10. Cada padrão, também chamado de banda, representa um fragmento de DNA que permite identificar a origem dos produtos vegetais em fenótipos Geneticamente Modificado (Padrão azul) e Natural (Padrão verde).

Após a análise dos dados das amostras do DNA de 10 produtos vegetais comercializados, identificamos que a maioria (n=7; 70,0%) tinha o predomínio de sítios da enzima de restrição *Bam* HI no sequenciamento da cadeia do DNA. Desta forma, apresentavam o DNA exógeno de produtos vegetais com origem em organismos que foram alterados geneticamente por métodos e meios que não ocorrem naturalmente. As Tabelas 1 e 2 apresenta esses resultados.

Ao comparar os alimentos dos dois grupos de produtos vegetais (Figuras 3 e 5), verificou-se no grupo da Figura 3, quatro produtos (80,0%) que continham a sequência GGATCC. Na Figura 5, foram verificados três produtos (60%) com a mesma sequência. Portanto, partindo-se da hipótese que as sequencias GGATCC são as responsáveis pela presença dos fenótipos de produtos vegetais geneticamente modificados, ficou demonstrado que dos 10 produtos vegetais comercializados 7 (70,0%) eram de origem geneticamente modificado.

A manipulação genética tem o intuito de modificar um determinado patrimônio genético, transferindo um gene de um organismo para o outro ou até mesmo criando uma nova combinação de genes. Essas possíveis alterações são realizadas com o objetivo de inserir nas espécies novas características genéticas, de acordo com um interesse específico, o que significa que essa técnica tem que ser analisada com cautela, já que esses procedimentos podem causar riscos, principalmente em relação às questões éticas.

Assim, de acordo com os autores Ahmed (2002); Marcelino et al. (2003) um produto geneticamente modificado pode ser distinguido do seu tipo natural equivalente, a partir do teste para a presença do DNA introduzido.

Segundo Bardau-Piednoir et al. (2010) depois que o gene responsável pela produção da toxina da bactéria *B. thuringiensis* é isolado, este é introduzido em células do vegetal-alvo por meio de outra bactéria, *Agrobacterium tumefaciens*, que tem a capacidade de agregar DNA para dentro de seu núcleo. Do ponto de vista teórico, este tipo de procedimento deverá deixar uma marca inequívoca no genoma do produto vegetal que é alvo de interesse. Isto porque se procura fixar uma determinada característica, eliminando a diversidade pré-existente.

Portanto para qualquer organismo que tenha sofrido alteração no seu DNA, a prova irrefutável da modificação consistiu na identificação se o sítio de restrição está ausente ou presente no seu DNA. Portanto, cada amostra de DNA (Figuras 1 e 2) pode ser de origem natural ou geneticamente modificado conforme a observação do número de sítios de restrição (Figuras 3 e 5), pela alteração no tamanho da cadeia de DNA e pelo número de bandas que possui. Deste modo, pelo exposto nas Figuras 3 e 5, está evidenciada a enorme importância da aplicação da enzima de restrição *Bam* HI na investigação forense no tocante a elucidação da situação-problema, sendo assim, imprescindível para o processo criminal. O exame de DNA, portanto, é mais um aliado da ciência na busca da verdade biológica.

Na realização dessa atividade, foi possível confirmar a importância da utilização dos modelos didáticos (Figura 1 e 2) como complemento da aula teórica. A relação entre os desenhos dos seguimentos das cadeias de DNA extraído das 10 amostras de tecido dos produtos alimentícios vegetais (Figuras 3 e 5) com a enzima de restrição *Bam* HI foi interessante, uma vez que o aluno associou que quando uma das amostras de DNA (Figuras 1 e 2) apresentasse a sequência GGATCC, seria reconhecida como um fenótipo vegetal de origem geneticamente modificada.

De um modo geral, a aplicação dos desenhos com a cadeia de DNA das amostras biológicas (Figuras 1 e 2) associado ao sítio da enzima de restrição *Bam* HI que é capaz de reconhecer pequenas moléculas de ácidos nucleicos com cerca de 6 nucleotídeos de comprimento que demarcavam o trecho do seguimento do DNA dos produtos vegetais com origem de organismo geneticamente modificado (Figuras 3 e 4), fez com que os alunos ficassem mais curiosos, possibilitando que eles identificassem características que não podem ser vistas a olho nu. Assim, Dofman (2007) destaca o desenho como instrumento útil, que auxilia na formulação de soluções sendo uma ferramenta para o pensamento visual.

Também neste estudo, os modelos didáticos (Figuras 1 e 2) revelaram agregar valores significativos na aprendizagem dos alunos, pois instigou, levantou questionamentos e possíveis soluções do problema, além de aproximar ideias e trocas de vivências. A utilização desses dois modelos didáticos proporcionou que o conhecimento fosse distribuído para além da sala de aula, alcançando outros públicos, levando informações e conhecimentos científicos para a comunidade escolar e familiar. Esses modelos (Figuras 1 e 2) poderão ser utilizados nas aulas de Biologia no ensino médio quando o tema ministrado for sobre DNA ou Genética fazendo com que a aula seja ilustrativa e prazerosa. Assim, acreditamos que os conhecimentos explanados sobre as técnicas de biologia molecular disponível aliado à utilização dos desenhos das amostras com o seu DNA, sensibilizaram os estudantes sobre a importância dos aspectos biológicos para a compreensão dos organismos geneticamente modificados.

De acordo com os PCNEM (1999), é fundamental que o ensino de Biologia se volte ao desenvolvimento de competências que permitam ao estudante lidar com as informações, compreendê-las, elaborá-las, refutá-las, quando for o caso, enfim compreender o mundo e nele agir com autonomia, fazendo uso dos conhecimentos adquiridos da Biologia e da tecnologia (BRASIL, 1999).

Diversos autores indicam a utilização de variados recursos didáticos como ferramentas capazes de aperfeiçoar o processo de ensino e aprendizagem, destacando-se dentre elas os modelos didáticos. Estes aproximam professores e estudantes com propósitos pedagógicos

previamente planejados; e revelam aspectos que são essenciais no processo educativo, a saber: a autonomia, o protagonismo e a interatividade entre estudantes.

Segundo relatos dos autores Medeiros et al. (2021); Medeiros, Alves e Kimura (2022 e 2023) os processos de aprendizagem de conteúdos conceituais e procedimentais enriquecidos por meio de atividades investigativas, desperta a curiosidade, o interesse e o estímulo de questionamentos sobre o conteúdo estudado, independente se são realizados em sala de aula, laboratórios, ou qualquer outro espaço, proporcionando uma mobilização para aprender.

Amaral, Mendes e Porto (2018) ainda ressaltam que a utilização de metodologias diferenciadas é eficiente na promoção de um processo de aprendizado mais interativo, uma vez que permitem a problematização dos mais diversos temas e promove debates que envolvem situações do conteúdo científico com questões vivenciadas no dia a dia.

Os autores Justina; Ferrari; Rosa (2000) citaram que com os avanços científicos e tecnológicos que são lançados constantemente na mídia, é possível destacar dificuldades que são apontadas por professores no momento de ensinar e pelos alunos na hora de compreender abordagens relacionadas à genética, como os organismos geneticamente modificados, tecnologia do DNA recombinante e o genoma humano. Assim, pode-se observar a importância do uso de metodologias ativas que visam aprimorar esse processo de construção do conhecimento.

Segundo Duso et al. (2013), a modelização tem sido considerada, nos últimos anos, um método de ensino bastante promissor para o ensino aprendizagem de ciências e biologia, porque propicia a reflexão, o debate e a participação ativa dos estudantes no processo de aprendizagem, estimulando a criatividade, a interatividade, a capacidade de decisão e a pesquisa. Podemos observar o crescente aumento no número de pesquisas sobre a importância do uso de modelos didáticos na construção do conhecimento e sua relação no processo de ensino aprendizagem, nos últimos anos (EICHLER & DEL PINO, 2000; BARAB et al., 2000; ISLAS & PESAS, 2001; MEDEIROS & MEDEIROS, 2002; GILBERT, 2004; CAVALCANTE & SILVA, 2008; FERREIRA & JUSTI, 2008; SOBRINHO & BORGES, 2010; MENDONÇA & SANTOS, 2011; MEDEIROS & RODRIGUES, 2012; DUSO, 2012; DUSO et al., 2013; KLAUBERG, 2015; MEDEIROS et al., 2021; MEDEIROS, ALVES E KIMURA, 2022; 2023).

De acordo com os autores Orlando et al. (2009) ensino de tópicos de Biologia Molecular constitui um dos conteúdos que mais requerem a elaboração de material didático de apoio ao conteúdo presente nos livros texto, já que emprega conceitos bastante abstratos e trabalha com aspectos microscópicos.

Portanto, como descrito por Guimarães & Ferreira (2006); Justina & Ferla (2006); Cavalcante e Silva (2008); Temp & Bartholomei-Santos (2013); Medeiros et al. (2021); Medeiros, Alves e Kimura (2022 e 2023), este tipo de recurso de ensino é considerado uma ferramenta valiosa de aprendizagem, tornando a aula mais diversificada, dinâmica e atrativa, ao mesmo tempo em que auxiliam o professor na execução de diferentes conteúdos em suas aulas.

CONCLUSÃO

O modelo didático relacionado ao estudo das cadeias de DNA de produtos alimentares vegetais para verificar se nas informações de seus materiais genéticos existem trechos de nucleotídeos exógenos que possa caracterizar provas de manipulação genética (Figuras 1 e 2), permitiram aos estudantes licenciandos uma considerável compreensão a respeito dos temas propostos, pois foi possível identificar que o processo de ensino e aprendizagem demonstrou avanços em comparação aos conhecimentos prévios de Biologia Molecular revelados durante as aulas teóricas e em suas vivências cotidianas. Diante disso, ressaltamos a importância do uso

de modelos didáticos, pois permitiram que os licenciandos relacionassem a teoria à prática, proporcionando aos alunos a autonomia na construção dos conhecimentos sobre os estudos relacionados a análise de uma cadeia de DNA nas aulas de genética e, portanto, constituiu uma das ferramentas pedagógicas que pode ser utilizada pelo docente como tema de pesquisa científica, tornando o conhecimento mais atrativo e acessível aos licenciandos, pois, permitiu uma melhor visualização e aproximação dos conceitos utilizados. Também foi constatado que esse tipo de recurso didático contribuiu de forma significativa no processo de ensino e aprendizagem, principalmente na construção do conhecimento sobre a aplicabilidade das enzimas de restrição e da eletroforese na investigação forense. Espera-se que atividades com esse tipo de metodologia sejam mais abordadas e praticadas, de forma que torne o ensino de genética mais motivador e dinâmico, atraindo ainda mais a curiosidade dos alunos os tornando alunos presentes nas salas de aula.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AHMED, F. E. Detection of genetically modified organisms in foods. **Trends In Biotechnology**, v. 20, n. 5, p. 215-223, 2002.

AMARAL, A. M.; MENDES, A. N. F. & PORTO, P. S. S. Jogo roletando como metodologia alternativa no ensino de química. *Experiências no Ensino de Ciências*, v. 13, nº 1, p. 225-240. (2018).

ANKLAM, E.; GADAMI, F.; HEINZE, P.; PIJNENBURG, H.; VAN DEN EEDE, G. Analytical methods for detection and determination of genetically modified organisms in agricultural crops and plant-derived food products. **European Food Research and Technology**, v. 214, p. 3-26, 2002.

BARAB, S. A.; HAY, K. E.; BARNETT, M. & KEATING, T. Virtual Solar System Project: Building Understanding through Model Building. *Journal of Research in Science Teaching*, 37 (7), 719 – 756. 2000.

BARDAU-PIEDNOIR E, LIEVENS A, MBONGOLO-MBELLA G, et al. SYBR® Green qPCR screening methods for the presence of “35S promoter” an “NOS terminator” elements in food and feed products. **Eur Food Res. Technol**, v. 230, p 383-393, 2010.

BARDAU-PIEDNOIR E, LIEVENS A, VANDERMASSEN E, et al. Four new SYBR® Green qPCR screening methods for the detection of Roundup ready, Liberty Link and Cry1Ab traits in genetically modified products. **Eur Food Res Tecnol**, v.234, p.13-23, 2012.

BRANQUINHO, M. R. Estudo da quantificação de soja geneticamente modificada em alimentos pela técnica da reação em cadeia pela polimerase em tempo real: Desenvolvimento de método evento específico. **Tese (Doutorado) – Fundação Oswaldo Cruz, Instituto Nacional de controle de qualidade em Saúde**, Rio de Janeiro 2010a.

BRANQUINHO, M. R.; FERREIRA, R. T. B.; CARDARELLI-LEITE, P. Survey of compliance with labeling in food containing GMOs in Brazil. **J. Food Composition and Analysis**, v.23, p.220-225, 2010b.

BRANQUINHO, M. R.; GOMES, D. M. V; FERREIRA, R. T. B.; LAWSON-FERREIRA, R.; CARDARELLI-LEITE, P. Detection of genetically modified maize events in Brazilian maize-derived food products. **Food Sci. Technology**, v. 33, n. 3: p 399-403 ,2013.

BRASIL, Ministério da Educação, Secretaria de Educação Média e Tecnológica - Semtec. *Parâmetros Curriculares Nacionais para o Ensino Médio*. Brasília: MEC. (1999).

BRASIL. Decreto nº 4.680, de 24 de Abril de 2003. Regulamenta o direito à informação, assegurado pela Lei nº 8.078, de 11 de Setembro de 1990, quanto aos alimentos e ingredientes alimentares destinados ao consumo humano ou animal que contenham ou sejam produzidos a partir de organismos geneticamente modificados, sem prejuízo do cumprimento das demais normas aplicáveis. *Diário Oficial da União República Federativa do Brasil*, Brasília, DF, 2003.

BRASIL. Lei de Biossegurança 11.105, de 24 de Março de 2005. Regulamenta os incisos II, IV e V do § 1º do art. 225 da Constituição Federal, estabelece normas de segurança e

mecanismos de fiscalização de atividades que envolvam organismos geneticamente modificados - OGM e seus derivados, cria o Conselho Nacional de Biossegurança – CNBS, reestrutura a Comissão Técnica Nacional de Biossegurança – CTNBio, dispõe sobre a Política Nacional de Biossegurança – PNB. Diário Oficial da República Federativa do Brasil, Brasília, DF, 2005.

CARDARELLI-LEITE, P.; FERREIRA, R.T.B.; BRANQUINHO, M. R Detection of GMO in food products in Brazil: the INCQS experience. **Food Control**, v. 16, p. 859-866, 2005.

CAVALCANTE, D.; SILVA, A. Modelos didáticos e professores: concepções de ensino aprendizagem e experimentações. In: XIV Encontro Nacional de Ensino de Química, Curitiba, UFRP. 2008.

CONCEIÇÃO, F. R.; MOREIRA, A. N.; BINSFELD, P. C. Detecção e quantificação de organismos geneticamente modificados em alimentos e ingredientes alimentares. **Ciência Rural**, v. 36, n. 1, p. 315-324, 2006.

DE ANDRADE, S. R. M. Transformação de plantas. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, ISSN 1517-5111, Planaltina-DF, p. 10-21, 2003.

DOFMAN, B. R. Pensar sem palavras ou a biologia do desenho. Curitiba. (2007).

DUSO, L. O uso de modelos no ensino de biologia. In: ENCONTRO NACIONAL DE DIDÁTICA E PRÁTICAS DE ENSINO, 16., 2012, Campinas. Anais... São Paulo: ENDIPE, 2012. p. 1-10.

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

EICHLER, M. & DEL PINO, J. C. Computadores em Educação Química: estrutura atômica e tabela periódica., São Paulo: Química Nova. (2000).

FERREIRA, P. F. M., & JUSTI, R. S. Modelagem e o “fazer ciência”. *Química Nova na Escola*, 28, 32-36. (2008).

FERREIRA, R. et al. Soja geneticamente modificada em alimentos contendo farinha e preparados à base de farinha de trigo. Detecção e adequação à legislação de rotulagem. **Brazilian Journal of Food Technology**, v.12, n.3, p. 241-248, 2009.

GACHET, E.; MARTIN, G. G.; VIGNEAU, F.; MEYER, G. Detection of genetically modified organism (OGMs) by PCR. **A brief review of methodology available**, v. 9, p. 380-388, 1999.

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.

GILBERT, J. K. Models and modeling: routes to more authentic science education. *International Journal of Science and Mathematics Education*, Netherlands, 2, 115 – 130. (2004).

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

HOLST-JENSEN, A.; RONNING, S. B.; LOVSETH, A.; BERDAL, K. G. PCR technology for screening and quantification of genetically modified organisms (GMOs). **Analytical and Bioanalytical Chemistry**, v. 375, p. 985-993, 2003.

ISLAS, S. M., & PESA, M. A. Futuros docentes y futuros investigadores se expresan sobre el modelado en física. *Rev. Brasileira de Ensino de Física*. São Paulo, 23(3), 319 – 328. (2001).

JUSTINA, L. A. D.; FERRARI, N. & ROSA, V. L. Genética no ensino médio: temáticas que apresentam maior grau de dificuldade na atividade pedagógica. In: Encontro de Perspectivas do Ensino de Biologia, *Coletânea*. IOSTE. (2000).

JUSTINA, L. A. D.; FERLA, M. R. A utilização de modelos didáticos no Ensino de Genética: exemplo de representação de compactação do DNA eucarioto. **Arquivos 83 do Museu Dinâmico Interdisciplinar**, Maringá, v.10, n.2, p.35-40, 2006.

KAKIHARA, Y.; MATSUFUGI, H.; CHINO, M.; TAKEDA, M. Extraction and detection of endogenous soybean DNA from fermented foods, **Food Control**, v. 17, p. 808-813, 2006.

KLAUBERG, S. D. W. O Lúdico no Ensino da biologia uso de um modelo didático para ensino da divisão celular mitótica. 2015. 21 f. Monografia (Especialização em Genética para Professores do Ensino Médio) - Universidade Federal do Paraná, Nova Londrina, 2015.

JAMES, C. Global status of commercialized biotech/GM crops: 2011. **ISAAA Briefs**, n. 43, Ithaca, NY, 2011.

LEE, S. H.; MIN, D. M., KIM, J. K. Qualitative and quantitative polymerase chain reaction analysis for genetically modified maize MON863. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 54, p. 1124-1129, 2006.

LI, X.; PAN, L.; LI, J.; ZHANG, Q.; ZHANG, S.; LV, R.; YANG, L. Establishment and application of event-specific polymerase chain reaction methods for two genetically modified soybean events, A2704-12 and A5547-127. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 59, p. 13188-13194, 2011.

MARCELINO, F. C.; MARTINS, M. F.; PIMENTA, M. A. S.; MOREIRA, M. A.; BARROS, E. G. Detecção de resíduos de transgênicos em grãos e produtos derivados, A experiência da Universidade Federal de Viçosa. **Revista Biotecnologia Ciência e Desenvolvimento**, n. 31, 2003.

MAZZA, R. et al. Assessing the transfer of genetically modified DNA from feed to animal tissues. **Transgenic Research**, v. 14, n. 5, p. 775-784, 2005.

MEDEIROS, A.; MEDEIROS, C. F. Possibilidades e limitações das simulações computacionais em Física. *Revista Brasileira do Ensino de Física*, 24 (2), 77 - 83. (2002).

MEDEIROS, K. C. R.; RODRIGUES, F. M. Análise da eficiência do uso de um modelo didático para o ensino de citogenética. *Estudos*, Goiânia, v. 39, n. 3, 2012, p. 311-319, jul/set. 2012.

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T.; SOUZA, E. A. Proposta de modelo didático como facilitador do ensino de genética de populações no Curso de Licenciatura em Ciências Biológicas da UFR/MT. *Biodiversidade* - v.20, n.2, 2021a - pág. 215 – 235.

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T.; SOUZA, E. A. Utilização prática de um modelo didático simulando uma técnica de bandas do DNA para estudo comparativo do vínculo genético humano aplicado aos estudantes de Licenciatura em Ciências Biológicas da UFR/MT. *Revista Biodiversidade* - v.20, n.3, 2021b - pág. 49 - 71.

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T.; SOUZA, E. A. O uso de modelo representativo aplicado no curso de Licenciatura em Ciências Biológicas da UFR/MT de como a seleção natural age sobre as variações genéticas do inseto após o uso de inseticida. *Revista Biodiversidade* - v.21, n.1, 2022a - pág. 182 – 207.

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T. O uso de representações didáticas como suporte a aprendizagem de probabilidades aplicadas ao estudo da genética no curso de Licenciatura em Ciências Biológicas da UFR/MT. *Revista Biodiversidade* - v.21, n.2, 2022b - pág. 83 – 109.

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T. Modelo didático aplicado no curso de Licenciatura em Ciências Biológicas da UFR/MT para a compreensão da interação entre a análise combinatória e o estudo genético de uma ninhada de *Athene cunicularia* (coruja-buraqueira). *Revista Biodiversidade* - v.21, n.3, 2022c - pág. 2 – 25.

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T. Modelo didático aplicado no curso de Licenciatura em Ciências Biológicas da UFR/MT para o estudo de genética de populações ligado ao caso de alelismo múltiplo que envolve a cor da pelagem em coelhos - *Oryctolagus cuniculus*. *Revista Biodiversidade* - v.21, n.4, 2022d - pág. 2 – 23.

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T. Modelo didático aplicado no curso de Licenciatura em Ciências Biológicas da UFR/MT para interpretação genotípica do tipo sanguíneo deduzido pela sequência hipotética de DNA. *Revista Biodiversidade* - v.22, n.1, 2023 - pág. 33 – 52.

MENDONÇA, C. O.; SANTOS, M. W. O. dos. Modelos didáticos para o ensino de ciências e biologia: aparelho reprodutor feminino da fecundação a nidação. In: V COLÓQUIO INTERNACIONAL “EDUCAÇÃO E CONTEMPORANEIDADE”, 5., São Cristóvão, 2011. Anais... Sergipe, 2011.

MEYER, R.; CHARDONNENS, F.; HÜBNER, P.; LÜTHY, J. Polymerase chain reaction (PCR) in the quality and safety assurance of food: detection of soya in processed meat products; *Zeitschrift für Lebensmittel – Untersuchung and Forschung*, v. 203, n. 4, p. 339-344, 1996.

ORLANDO, T. C., LIMA, R. A., SILVA, A. M., FUZISSAKI, C. N., RAMOS, C. L., MACHADO, D., FERNANDES, F. F., LORENZI, J. C. C., LIMA, M. A., GARDIM, S., BARBOSA, V. C., & TRÉZ, T. A. Planejamento, montagem e aplicação de modelos didáticos para abordagem de Biologia celular e molecular no ensino médio por graduandos de ciências biológicas. *Rev. Brasileira de Ensino de Bioquímica e Biologia Molecular*, 1, 1-17. (2009).

PETIT, L.; BARAIGE, F.; BALOIS, A. M.; BERTHEAU, Y.; FACH, P. Screening of genetically modified organisms and specific detection of Bt176 maize flours and starches by PCR-enzyme linked immunosorbent assay, v. 217, p. 83-89, 2003.

SHIMIZU, E.; KATO, H.; NAKAGAWA, Y.; KODAMA, T.; FUTO, S.; MINEGISHI, Y.; WATANABE, T.; AKIYAMA, H.; TESHIMA, R.; FURUI, S.; HINO, A.; KITTA, K. Development of a screening method for genetically modified soybean by plasmidbased quantitative competitive polymerase chain reaction. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 56, p. 5521-5527, 2008.

SOBRINHO, M. M. S.; BORGES, A. T. Aprendizagem sobre epidemias com simulações computacionais. *Revista Brasileira de Ensino de Ciências e Tecnologia*, 3(1), 41 - 61. (2000).

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

VILJOEN, C. D.; DAJEE, B. K.; BOTHA, G. M. Detection of GMO in food products in South África: Implications of GMO labeling. *African Journal of Biotechnology*, v. 5, n. 2, p. 73-82, 2006b.

ZABALA, A. *A Prática Educativa: Como educar*. Porto Alegre, 1998.