



DESCOMPLICANDO A VARIABILIDADE GENÉTICA – UMA PROPOSTA DE ATIVIDADE INTERATIVA PARA O ENSINO DE GENÉTICA

Reginaldo Justino Ferreira

Departamento de Ensino e Pesquisa – DEPEN, Universidade Tecnológica Federal do Paraná – UTFPR
campus Toledo; Av. XV de Novembro, 2191, CEP 85902-040, Toledo-PR.

E-mail: reginaldojf@utfpr.edu.br

Palavras-chave: ensino de genética, variabilidade genética

Resumo

A construção do conhecimento em Biologia depende da compreensão do conceito de variabilidade genética e de sua importância nos vários níveis de organização dos seres vivos. Devido à sua relevância didática e a atual disponibilidade de um grande número de notícias sobre pesquisas contemporâneas para uso como recurso pedagógico, propomos uma atividade interativa que simula e reforça os conceitos de genes, alelos e variabilidade genética.

Introdução

A compreensão do conceito de variabilidade genética e de sua importância nos vários níveis de organização dos seres vivos é fundamental para a construção do conhecimento em Biologia. Esta compreensão é determinante no processo ensino-aprendizagem de diversos temas contemplados pela Biologia no ensino médio. Entre eles, podemos citar: mutação, permutação (*crossing-over*), padrões de herança, reprodução sexuada e assexuada, evolução e relações ecológicas.

A variabilidade genética, por vezes subentendida sob termos mais abrangentes como “diversidade biológica” ou “biodiversidade”, é foco atual de grande parte das pesquisas científicas, as quais são frequentemente expostas em diferentes veículos de mídia.

Para ilustrar esta condição, uma busca rápida realizada no início de 2008 na internet, por informações em português divulgadas durante o ano de 2007, utilizando as palavras-chave “variabilidade genética”, “diversidade biológica” e “biodiversidade” no site *Google*, resultou em aproximadamente 1.000.000 de páginas. Mesmo que nem todas contenham informações criteriosas sobre o tema, muitas apresentam conteúdo que pode ser explorado didaticamente, dependendo do domínio e compre-

ensão do tema e também do grau de aprofundamento que se deseja.

A expressão *variabilidade genética* (ou *biodiversidade molecular*) é utilizada para se referir à diversidade de alelos existentes nos vários locos gênicos de uma espécie. É menos abrangente que *diversidade biológica* ou *biodiversidade*, pois esta é aplicada ao conjunto de variabilidade ecológica (como o número de espécies de uma comunidade e suas interações) e genética.

A fonte primária de toda a variabilidade genética é a *mutação*. Este termo tem significado bastante abrangente pois é aplicado tanto aos vários tipos de alterações que ocorrem no material genético quanto aos processos que lhes dão origem. A mutação é um processo aleatório, que dá origem a novas versões de genes, os *alelos*. É um fenômeno considerado *não-adaptativo*, ou seja, não ocorre com a “finalidade” de tornar um indivíduo adaptado.

Como as condições ambientais podem variar de forma não previsível, organismos portadores destas mutações podem vir a ter maior ou menor chance de sobreviver e produzir descendentes, num processo conhecido como *seleção natural*. Caso o alelo mutante não tenha influência sobre a chance de sobrevivência dos portadores, sua frequência na população irá oscilar ao longo das gerações (*deriva genética*), podendo tanto desaparecer quanto se fixar.

Embora somente um pequeno número destes alelos confira vantagem adaptativa, considera-se que quanto maior o repertório de alelos diferentes em uma população, maior será a chance de indivíduos desta população sobreviverem a variações ambientais. É a variação genética que fornece o material básico para a seleção natural e, portanto, para a evolução das espécies.

Essa mesma variabilidade é que permite aos pesquisadores comparar indivíduos, populações e mesmo

espécies diferentes. Nestas pesquisas, quando um determinado alelo ou um conjunto deles pode ser associado a uma característica em estudo, a análise estatística dos resultados permite verificar se esse alelo é ou não herdado junto com aquela característica.

Com o intuito de contribuir para o desenvolvimento do tema variabilidade genética em sala de aula, apresentamos uma proposta de atividade interativa utilizando cartas de baralho.

Instruções

Esta atividade pode ser realizada com dois baralhos comuns, utilizando-se as cartas numeradas de 2 a 10 – para que as variáveis sejam apenas números e naipes. Cada carta do baralho representa dois genes: o gene “número” e o gene “naipe”. Ao optarmos pela investigação do gene “naipe”, sabemos que poderão ser encontrados apenas quatro alelos (paus, copas, espada e ouro), enquanto se a opção for o gene “número”, a variação será maior, apresentando nove alelos (2 -10). Após embaralhar todas as cartas, prossiga da seguinte forma:

- Distribua duas cartas para cada aluno;
- Solicite a participação de alguns voluntários para compor um grupo (amostra populacional);
- Reproduza a tabela exemplificada a seguir (Tabela 1) no quadro-negro, preenchendo-a com as informações obtidas na amostra populacional:

Tabela 1. Resultado da avaliação dos alelos dos genes “número” e “naipe” na amostra populacional.

Amostra populacional		
Indivíduo	Alelos dos genes	
	Número	Naipe
1		
2		
3		
n		

- Faça uma lista dos alelos que não foram encontrados nessa amostra populacional.

Esta etapa da atividade permite a comparação da taxa de variabilidade existente na amostra e sua representatividade em relação à população (a turma inteira). Enquanto na investigação do gene “naipe” há grande chance de se detectar a presença de todos os alelos na amostra (pois cada naipe corresponde a 25% da população – total de cartas), no gene “número”, a variabilidade maior e a baixa frequência de cada alelo resultará, muito provavelmente, em não detecção de alguns alelos

na amostra, uma vez que cada alelo do gene “número” corresponde a aproximadamente 10% das cartas.

É necessário ressaltar que, diferentemente desta atividade, nas situações reais de pesquisa não se conhece a variabilidade total existente em uma população. A simulação possibilita a oportunidade de discutir o tamanho adequado das amostras populacionais para investigação científica, para que estas sejam representativas da população. Após esta etapa, continue a atividade com a leitura da notícia “Variação genética é ligada a doença cardíaca”.

Notícia: “Os caucasianos com uma variação genética comum têm 60% mais chances de desenvolver uma doença cardíaca do que os que não a possuem, não importando seu estilo de vida, destacaram dois novos estudos. As pesquisas, que analisaram 40.000 pessoas em quatro países, indicam que os fatores genéticos podem desempenhar um papel no fato de uma pessoa desenvolver uma doença cardíaca, mais ainda se fumar, for sedentária ou não fizer dieta, fatores de risco já conhecidos. As doenças cardíacas são a principal causa de morte nos países ocidentais. Aproximadamente 25% das pessoas de origem europeia têm esta variante genética, que aparece numa região do cromossomo 9, informaram os cientistas. ‘Se pudermos identificar os fatores genéticos que influem no risco de desenvolver uma doença cardíaca além dos fatores de risco conhecidos, podemos fazer um trabalho melhor na hora de identificar as pessoas que se beneficiarão mais de uma intervenção precoce para reduzir seu risco’, disse Ruth McPherson, diretora do *Heart Institute Lipid Research Laboratory* da Universidade de Ottawa e principal autora de um dos estudos. McPherson e seus colegas analisaram o DNA de 1.300 pacientes cardíacos e 1.500 pessoas saudáveis em Ottawa, procurando variações genéticas. Os resultados foram confrontados com os de outro amplo estudo genético feito nos Estados Unidos e na Dinamarca com 22.000 pacientes. Dos pacientes de Ottawa, 33% daqueles com doenças cardíacas precoces tinham esta variação genética, contra 24% das pessoas saudáveis mais velhas, disse McPherson. Os dois estudos foram publicados na revista *Science*.” (<http://g1.globo.com/Noticias/Ciencia/0,,MUL30956-5603,00.html>)

Dois aspectos fundamentais presentes nesta notícia devem ser abordados: o tamanho da amostra populacional e a objetividade da pesquisa. A importância do tamanho da amostra, demonstrada na simulação anterior, torna-se mais clara quando se destaca que, em um dos estudos indicados na matéria, foram avaliados 1.300 pacientes cardíacos, mais 1.500 pessoas saudáveis e então os resultados obtidos foram comparados com os de outro estudo, em que mais 22.000 pessoas haviam sido avaliadas. Como, provavelmente, todas as pessoas possuíam ascendência caucasiana, os resultados são informativos (até o momento, ao menos) apenas para estes, não sendo aplicáveis aos asiáticos, africanos etc.

Já nossa população sob investigação (os alunos de uma única sala de aula) e a variabilidade que nela cria-

mos (cartas de baralho), certamente constitui um grupo muito pequeno. Além disso, ao formamos subgrupos dessa “população”, criamos condições para o surgimento de vieses estatísticos. Didaticamente, este fato justifica a importância do tamanho da amostra sob risco de comprometimento dos resultados da pesquisa.

O segundo aspecto importante, a objetividade da pesquisa, pode ser destacado ao ressaltar que, diferentemente da simulação que fizemos, na pesquisa relatada não se investigou aleatoriamente a variabilidade em uma população, mas sim, comparou-se a variabilidade entre dois grupos distintos (pacientes cardíacos e indivíduos normais). Da mesma forma, podemos formar dois gru-

pos (A e B) com novos voluntários e investigar a variabilidade “genética” entre eles, da seguinte forma:

- Solicite a participação de novos voluntários, separando-os em dois grupos (A e B);
- Reproduza a tabela exemplificada a seguir (Tabela 2) no quadro-negro, preenchendo-a com as informações obtidas nos dois grupos;
- Compare os alelos dos genes “naipe” e “número” de cada indivíduo dos dois grupos (para aumentar a chance de discriminação), identificando as similaridades e diferenças entre os alelos presentes em cada grupo.

Tabela 2. Resultados da avaliação dos alelos dos genes “número” e “naipe” nos grupos amostrais A e B.

Grupo A		
Indivíduo	Alelos dos genes	
	Número	Naipe
1		
2		
3		
n		

Grupo B		
Indivíduo	Alelos dos genes	
	Número	Naipe
1		
2		
3		
n		

Referências Bibliográficas

SNUSTAD, D. Peter; SIMMONS, Michael J. Fundamentos de Genética. 2a. Ed. Tradução de Paulo Armando Motta. Rio de Janeiro, Guanabara Koogan. 2001. 756p.

SOARES NETTO, Luis Eduardo; MENCK, Carlos Frederico Martins. Estabilidade do material genético: mutagênese e reparo. In Matioli, Sérgio Russo (ed). Biologia Molecular e Evolução. Ribeirão Preto, Editora Holos. 2001. 202p.

SOLÉ-CAVA, Antonio M. Biodiversidade molecular e genética da conservação. In _____.

Varição genética é ligada a doença cardíaca. Acesso em 18/01/2008. Disponível em <http://g1.globo.com/Noticias/Ciencia/0,,MUL30956-5603,00.html>.

Cientistas associam gene do canhotismo à esquizofrenia. Acesso em 29/01/2008. Disponível em <http://www.farmacia.com.pt/modules.php?op=modload&name=News&file=article&sid=3988>.

Cientistas americanos acham o calcanhar-de-aquiles do HIV/Aids. Acesso em 29/01/2008. Disponível em <http://www.servidorpublico.net/noticias/2007/07/22/cientistas-americanos-acham-o-calcanhar-de-aquiles-do-hiv-aids>.

Diversidade genética caiu na Grã-Bretanha nos últimos mil anos. Acesso em 29/01/2008. Disponível em <http://noticias.bol.uol.com.br/ciencia/2007/08/01/ult4296u299.jhtm>.

Índios brasileiros têm um pé na Europa. Acesso em 29/01/2008. Disponível em <http://g1.globo.com/Noticias/Ciencia/0,,MUL89535-5603,00.html>.

Varição genética revela câncer fatal. Acesso em 29/01/2008. Disponível em <http://jbonline.terra.com.br/extra/2007/07/16/e16078532.html>.

Dispersão vegetal transoceânica. Acesso em 29/01/2008. Disponível em <http://www.bioteecnologia.com.br/bionoticias/noticia.asp?id=3219>.