

UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
DEPARTAMENTO DE CIÊNCIAS DA NATUREZA, MATEMÁTICA E EDUCAÇÃO
LICENCIATURA EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

MANUELLA FILGUEIRAS

**Elaboração de uma cartilha como ferramenta no
ensino de genética**

ARARAS - SP
2025

MANUELLA FILGUEIRAS

Elaboração de uma cartilha como ferramenta no ensino de genética

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Departamento de Ciências da Natureza, Matemática e Educação da Universidade Federal de São Carlos, Centro de Ciências Agrárias para obtenção do título de licenciando em Ciências Biológicas.

Orientadora: Profa. Dra. Ane Hackbart de Medeiros

Araras - SP
2025

Filgueiras, Manuella

Elaboração de uma cartilha como ferramenta no ensino de genética / Manuella Filgueiras -- 2025.
45f.

TCC (Graduação) - Universidade Federal de São Carlos,
campus Araras, Araras
Orientador (a): Ane Hackbart de Medeiros
Banca Examinadora: Estéfano Vizconde Veraszto, Paulo
José Camargo dos Santos
Bibliografia

1. divulgação científica. 2. ensino de genética. 3.
metodologias ativas. I. Filgueiras, Manuella. II. Título.

Ficha catalográfica desenvolvida pela Secretaria Geral de Informática
(SIn)

DADOS FORNECIDOS PELO AUTOR

Bibliotecário responsável: Maria Helena Sachi do Amaral - CRB/8
7083

UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS

Centro de Ciências Agrárias
Licenciatura em Ciências Biológicas

Folha de aprovação

Assinatura dos membros da comissão examinadora que avaliou e aprovou a Defesa de Trabalho de Conclusão de Curso da candidata Manuella Filgueiras, realizada em 25/02/2025:

Prof. Dr. Ane Hackbart de Medeiros
Universidade Federal de São Carlos, campus Araras

Prof. Dr. Estéfano Vizconde Veraszto
Universidade Federal de São Carlos, campus Araras

Dr. Paulo José Camargo dos Santos
Centro de Citricultura “Sylvio Moreira”, Instituto Agronômico de Campinas

DEDICATÓRIA

Aos meus pais, pelo incentivo constante à minha educação durante toda a vida e por sempre acreditarem no meu potencial. Ao meu namorado, pelo apoio em todos os momentos. Às minhas amigas, pelo suporte e amizade ao longo da nossa jornada. Aos meus cachorros, pela companhia e amor incondicional. À minha orientadora, por todo o aprendizado e amizade que construímos.

RESUMO

Aprender genética nem sempre é uma tarefa fácil. Com tantos conceitos científicos e abstratos, os alunos sentem que estão navegando em um mar de informações desconexas do cotidiano em que vivem. Pensando nisso, este trabalho apresenta a criação de uma cartilha educativa a respeito da genética aplicada em diferentes áreas do dia a dia: diagnóstico molecular, taxonomia e genética forense. A cartilha educativa pode servir como uma facilitadora da compreensão de temas associados aos abordados no ensino médio, através da linguagem clara e objetiva e ilustrações que aproximam o público. Para isso foram selecionados três exemplos que ilustram que a genética está inserida no nosso cotidiano e vai além das quatro paredes da sala de aula. Todos os exemplos usam o DNA como tema principal. Abordando o diagnóstico molecular, procurou-se ligar ao período da pandemia, onde a técnica de PCR foi usada na identificação do vírus da COVID-19. Para chamar atenção da importância do uso do DNA na taxonomia, foi usado o exemplo da série de TV *“The Last of Us”* onde fungos tem o papel principal: a biologia molecular pode ser uma aliada na taxonomia, por resolver ambiguidades difíceis de serem tratadas somente baseando se em caracteres morfológicos. E por último, para chamar a atenção do uso do DNA na resolução de crimes e análise de ancestralidade, foi usado o exemplo da série de TV *“CSI”*, onde em grande parte dos episódios o assassino era pego por conta de pistas onde era feita a busca por DNA do suspeito em um banco de dados. Esses três temas foram resumidos de maneira leve e representativa, na cartilha. Espera-se que esse instrumento sirva para facilitar a compreensão de que estudos envolvendo o DNA estão presentes no cotidiano das pessoas. Espera-se que o acesso à cartilha gere um sentimento de conexão com o tema “genética” pelos alunos do ensino médio e que esse sentimento seja levado para a vida adulta, facilitando na tomada de decisões envolvendo a genética.

Palavras-chave: metodologias ativas; divulgação científica; diagnóstico molecular; cartilha educativa, aprendizado de genética

ABSTRACT

Learning genetics is not always an easy task. With so many scientific and abstract concepts, students feel like they are navigating a sea of information disconnected from their daily lives. With this in mind, this work presents the creation of an educational booklet about genetics applied to different areas of daily life: molecular diagnosis, taxonomy, and forensic genetics. The educational booklet can serve as a facilitator in understanding topics associated with those covered in high school, through clear and objective language and illustrations that bring the audience closer. For this purpose, three examples were selected that illustrate that genetics is part of our daily lives and goes beyond the four walls of the classroom. All of the examples use DNA as the main theme. Addressing molecular diagnosis, we sought to link it to the period of the pandemic, when the PCR technique was used to identify the COVID-19 virus. To draw attention to the importance of using DNA in taxonomy, the example of the TV series “The Last of Us” was used, where fungi play the main role: molecular biology can be an ally in taxonomy, by resolving ambiguities that are difficult to deal with based solely on morphological characters. Finally, to draw attention to the use of DNA in crime solving and ancestry analysis, the example of the TV series “CSI” was used, where in most episodes the killer was caught due to clues that involved searching for the suspect’s DNA in a database. These three themes were summarized in a light and representative manner in the booklet. It is hoped that this tool will serve to facilitate the understanding that studies involving DNA are present in people’s daily lives. It is hoped that access to the booklet will generate a feeling of connection with the topic of “genetics” among high school students and that this feeling would be carried into adulthood, facilitating decision-making involving genetics.

Keyword: active pedagogy; public communication of science, molecular diagnosis; educational booklet, genetics education

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Gráfico 1 - Métodos que facilitam a aprendizagem em Genética	12
Imagem 1 - Frente Cartilha Educativa “Pra que serve o DNA mesmo?”	32
Imagem 2 - Verso Cartilha Educativa “Pra que serve o DNA mesmo?”	33

LISTA DE SIGLAS

BNCC - Base Nacional Comum Curricular
CODIS - Combined DNA Index System
ctDNA - DNA Tumoral Circulante
DNA - Ácido Desoxirribonucleico
mtDNA - DNA Mitocondrial
PCR - Reação em Cadeia da Polimerase
RNA - Ácido Ribonucleico
RIBPG - Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	10
2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	11
2.1 PERCEPÇÃO DOS ALUNOS AO ENSINO DE GENÉTICA E BIOLOGIA MOLECULAR	11
2.2 METODOLOGIAS ATIVAS COMO ALIADAS NO ENSINO DESSA CIÊNCIA ABSTRATA: A CARTILHA EDUCATIVA	13
2.3 JUSTIFICATIVA	16
2.4 OBJETIVOS	16
2.4.1 Objetivo Geral	16
2.4.2 Objetivos Específicos	16
2.5 MATERIAIS E MÉTODOS	17
3 RESULTADOS	18
3.1 ESCOLHA DE TRÊS GRANDES ÁREAS DA GENÉTICA MOLECULAR PARA FAZER PARTE DA CARTILHA	18
3.1.1 Genética Forense	19
3.1.2 Diagnóstico Molecular	23
3.1.3 Uso do DNA como aliado na identificação e taxonomia de espécies: O caso do <i>Cordyceps</i>	29
3.2 APRESENTAÇÃO DA CARTILHA	33
4 CONCLUSÃO	35
5 REFERÊNCIAS	36

1 INTRODUÇÃO

A genética, enquanto componente essencial da Biologia para os estudantes de Ensino Médio segundo a Base Nacional Comum Curricular (2025), é fundamental para o desenvolvimento do conhecimento científico dos estudantes, ao explorar diversos temas, como hereditariedade, tipagem sanguínea, genética mendeliana e avanços da biotecnologia. No entanto, historicamente, a aprendizagem dessa disciplina tem sido desafiadora, onde muitos estudantes enfrentam dificuldades para compreender os conceitos, considerando-os complexos e abstratos. Resultando no aprendizado superficial, focado na memorização e não na compreensão efetiva.

Diante desse contexto, o presente trabalho teve como objetivo o desenvolvimento de uma cartilha educativa, com título “Pra que serve o DNA mesmo?”, abordando os três seguintes temas: genética forense, taxonomia de fungos e diagnóstico molecular, com propósito de despertar o interesse e a conexão dos estudantes do Ensino Médio pela área da genética.

É sabido que uma das formas que mais contribui na consolidação e motivação do aprendizado é o uso de jogos e modelos didáticos (Almeida, 1981), instrumentos através dos quais se articulam certos conhecimentos, dentro de uma determinada linha pedagógica. Além de estimular a criatividade e o aumento da capacidade de decisão, jogos e modelos didáticos também estimulam a leitura, a escrita e a pesquisa, por ser um meio em que se consegue abarcar, na íntegra, a interdisciplinaridade (Arouca, 1996) (Temp; Carpilovsky; Guerra, 2011, p. 9).

Desta forma, nessa monografia fez-se um levantamento bibliográfico sobre a concepção dos alunos a respeito da área Genética dentro do ensino de Biologia, bem como avaliação das estatísticas e resultados a respeito das dificuldades encontradas pelos alunos informadas por diferentes autores.

Da mesma maneira, foi feito um levantamento bibliográfico sobre os temas abordados na cartilha: genética forense, taxonomia molecular de fungos, diagnóstico molecular, buscando os conceitos e também as aplicações no cotidiano para que se pudesse criar uma base teórica sólida para as informações colocadas - de formas simples - no material didático desenvolvido.

2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

2.1 PERCEPÇÃO DOS ALUNOS AO ENSINO DE GENÉTICA E BIOLOGIA MOLECULAR

Apesar da genética ser um componente curricular importante para os estudantes do ensino médio na disciplina Biologia, historicamente, a aprendizagem apresenta índices muito baixos (Leal; De Meirelles; Rôças, 2019). Provavelmente devido ao vocabulário complexo e pela dificuldade de associação dos assuntos abordados com o cotidiano. Dessa forma, os alunos priorizam ‘decorar’ os termos ao invés de ‘compreender’ e ‘correlacionar’ o aprendizado com a vida prática (Carpilovsky; Guerra; Temp, 2011).

Compreender assuntos complexos, mesmo para quem tem bom entendimento e acesso à informação, pode ser uma tarefa árdua. A área de conhecimento da genética, que engloba conceitos abstratos e complexos, é um desafio para educadores, dessa forma, se torna essencial a utilização de metodologias inovadoras e ativas no aprendizado dessa área. Relacionar os assuntos da Genética com o cotidiano é importante por tornar os conteúdos mais fáceis de serem assimilados (Araújo; De Matos, 2021).

As pesquisas levantadas por diversos autores demonstram em seus resultados, a grande dificuldade por parte dos alunos no entendimento da matéria de genética, de maneira que podemos citar diferentes motivos discutidos por autores nos últimos anos.

Klauatau et al. (2009) mostram que universitários e alunos do Ensino Médio julgam a genética como a área da biologia mais complicada no processo de ensino/aprendizagem. Os autores apontam que isso ocorre, muitas vezes, pela forma como as aulas são ministradas, pela quantidade de informações transmitidas aos alunos para se cumprir o assunto em tempo hábil no ano letivo (Lopes; Da Silva, 2018, p. 3).

Segundo Lorbieski et al. (2010), uma das explicações para o não entendimento do conteúdo de genética é a forma de transmissão do mesmo pelo professor, pois a maioria utiliza o método tradicional (Freire, 1998) aplicando simplesmente aulas expositivas como modalidade didática. Outros recursos didáticos podem auxiliar as explicações feitas em aula para que o estudante possa estudá-las mais e melhor. Dentre alguns recursos, os modelos de jogos didáticos representam bons instrumentos pedagógicos (Temp; Carpilovsky; Guerra, 2011, p. 9).

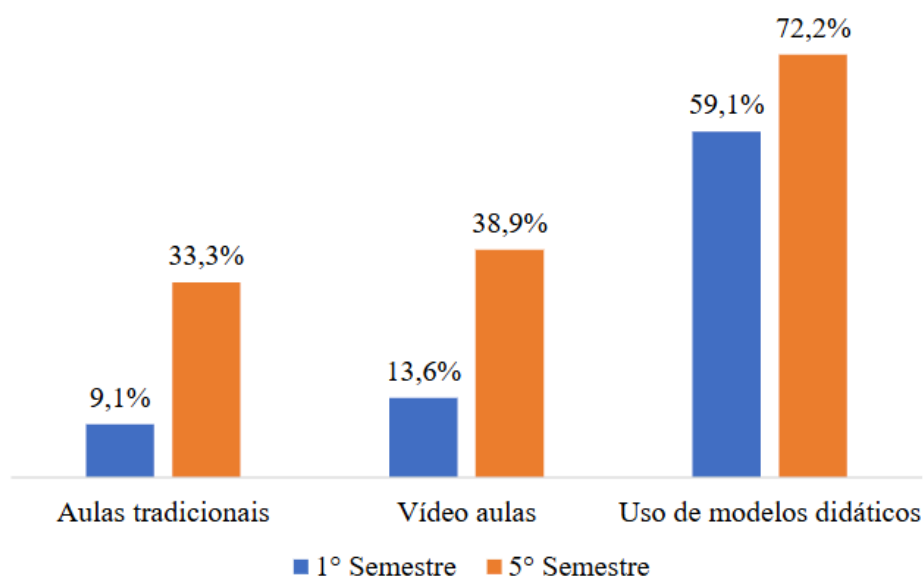
Moura et al. (2013) indicam que a dificuldade em aprender Genética pode ser atribuída aos conteúdos mal distribuídos e descontextualizados ao longo das aulas. Já para Vilela (2017), essa dificuldade em

aprender Genética pode ser consequência do uso incorreto dos livros didáticos, do excesso de aulas expositivas dialogadas e de falhas na formação do docente, resultando em prejuízos para os alunos e para a instituição de ensino (Araújo; De Matos, 2021, p. 6)

Na subcategoria (2), Dificuldade no ensino da genética, destacou-se que os alunos atribuem a grande dificuldade em aprender genética aos vários conceitos que envolvem a disciplina. Isso fica claro pelas falas dos alunos, a seguir: *Acho uma matéria muito complicada, estuda muitos nomes. Acho difícil, pois me confundo na definição de alguns termos. DNA é cheio de detalhes. Senti dificuldade, porque tem alguns nomes complexos* (Lopes; Da Silva, 2018, p. 8)

Portanto, é nítida a necessidade de um método que seja eficiente para quebrar as barreiras entre o aprendizado e os alunos, qual conecte a teoria com o contexto cotidiano desses indivíduos, para dessa maneira gerar o aprendizado efetivo por meio do entendimento. Ainda segundo os autores Araújo; De Matos (2021), os alunos os quais foram abordados na pesquisa, quando questionados a respeito do melhor método para facilitação da aprendizagem de Genética, em sua maioria citaram o uso de modelos didáticos, como evidenciado no Gráfico 1.

Gráfico 1: Resultados da pergunta: “Métodos que facilitam a aprendizagem em Genética” feita para 20 alunos do curso de Licenciatura em Ciências Biológicas da Faculdade de Educação, Ciência e Letras de Iguatu -FECLI do 1º semestre e 20 alunos do 5º semestre.



Fonte: Araújo; De Matos. (2021)

É importante ressaltar que mesmo o foco do nosso trabalho sendo para alunos do Ensino Médio, o estudo de Araújo e De Matos traz uma perspectiva do ponto de vista de universitários, tanto do 1º semestre como do 5º, de forma a nos trazer dados de recém formados nas escolas, mas também de alunos que já estão no meio do curso de Licenciatura em Ciências Biológicas, futuros professores.

Dessa maneira, podemos incluir a dificuldade também encontrada no meio acadêmico do ensino superior, importante para que esses futuros profissionais possam desenvolver novas metodologias em sua formação.

2.2 METODOLOGIAS ATIVAS COMO ALIADAS NO ENSINO DESSA CIÊNCIA ABSTRATA: A CARTILHA EDUCATIVA

Na tentativa de evitar o ‘decorar’ e promover o ‘entender’, as metodologias ativas de ensino e aprendizagem são uma ótima aliada do professor da disciplina de genética, pois contextualizam os conceitos com vivências do cotidiano, transformando o que era abstrato e irreal em algo corriqueiro e real. E estão em consonância com a Base Nacional Comum Curricular (BNCC), em particular a Competência Específica 3:

Investigar situações-problema e avaliar aplicações do conhecimento científico e tecnológico e suas implicações no mundo, utilizando procedimentos e linguagens próprios das Ciências da Natureza, para propor soluções que considerem demandas locais, regionais e/ou globais, e comunicar suas descobertas e conclusões a públicos variados, em diversos contextos e por meio de diferentes mídias e tecnologias digitais de informação e comunicação (TDIC) (BNCC, p.558)

E também as referentes habilidades:

(EM13CNT302) Comunicar, para públicos variados, em diversos contextos, resultados de análises, pesquisas e/ou experimentos, elaborando e/ou interpretando textos, gráficos, tabelas, símbolos, códigos, sistemas de classificação e equações, por meio de diferentes linguagens, mídias, tecnologias digitais de informação e comunicação (TDIC), de modo a participar e/ou promover debates em torno de temas científicos e/ou tecnológicos de relevância sociocultural e ambiental. (BNCC, p.559)

(EM13CNT304) Analisar e debater situações controversas sobre a aplicação de conhecimentos da área de Ciências da Natureza (tais como tecnologias do DNA, tratamentos com células-tronco, neurotecnologias,

produção de tecnologias de defesa, estratégias de controle de pragas, entre outros), com base em argumentos consistentes, legais, éticos e responsáveis, distinguindo diferentes pontos de vista. (BNCC, p.559)

Nesta metodologia, os alunos são incentivados a se envolver diretamente com os conteúdos, participando de diferentes atividades práticas, incentivando o protagonismo fundamental para o processo de conscientização. Nele, os educandos passam a entender as condições sociais e culturais que moldam o conhecimento e a realidade ao seu redor: é criado um ambiente educacional mais democrático e participativo, que ultrapassa a relação hierárquica entre educador e educando. As metodologias ativas fazem com que o processo de aprendizagem não se construa de maneira unilateral e passiva, mas sim de forma dialógica, sendo um convite para que o aluno se torne o protagonista de sua jornada educacional (Freire, 1996).

A divulgação científica tem um papel fundamental pois estabelece uma ponte entre o conhecimento científico, gerado nas instituições, e a sociedade, servindo de intérprete, ou tradutor dos conceitos complexos e cheios de jargões, para termos mais coerentes e significativos para o cidadão. A divulgação científica desempenha um papel educativo e social, ao estimular o pensamento crítico e contribuir para a formação de uma sociedade mais engajada e participativa (Mendes; Maricato, 2020).

Gomes, Penna e Arroio (2020) citam que a comunicação científica, especialmente no campo das ciências biológicas, precisa ir além da simples transmissão de dados; ela deve envolver o público e promover uma compreensão mais profunda dos temas em questão, criando espaços para o diálogo e a reflexão crítica sobre as descobertas e suas implicações, pensando nessa metodologia, o uso de cartilhas educativas tem se consolidado como um recurso eficaz para promover o ensino e a conscientização em diversos contextos educacionais e sociais. Seu uso permite a comunicação de informações complexas de forma simples e acessível, utilizando linguagem clara e imagens que auxiliam no entendimento, potencializando o aprendizado e o engajamento de diferentes públicos. Este recurso é especialmente importante em temáticas como saúde pública, ciências, e questões socioambientais, promovendo a alfabetização científica e cidadã.

Visando promover um engajamento dos estudantes com temas da atualidade, que envolvam genética, foi idealizada a criação de uma cartilha educativa contendo três temas presentes em situações que os estudantes vivenciam: genética forense, diagnóstico molecular de doenças e taxonomia de espécies. A tentativa é divulgar, de forma simples, para estudantes do ensino médio e pessoas da sociedade, que todos nós consumimos produtos ou podemos ter a nossa vida melhorada tendo como aliada a biologia molecular. Essa cartilha poderia ser utilizada para os alunos do 2º ou 3º anos Ensino Médio, de forma a ilustrar como o DNA pode ser usado em aplicações práticas do cotidiano.

Dentro da Base Nacional Comum Curricular, a área de genética é abordada em temas como: a aplicação da tecnologia do DNA recombinante; identificação por DNA; hereditariedade; Genética Mendeliana. Dessa forma, dentro dos temas abordados na cartilha, exceto pela Genética Forense que pode ser incluída como “identificação por DNA”, os outros dois temas não são tratados especificamente dentro da BNCC, porém podem ser entendidos na parte de analisar e debater situações controversas sobre a aplicação de conhecimentos da área de Ciências da Natureza, tais como tecnologias do DNA.

As metodologias ativas são diversas, podemos citar alguns exemplos como: jogos didáticos; debates; teatros; pesquisas em campo, entre outros. Para o nosso trabalho foi definida a cartilha educativa como o método mais adequado para cumprir com o nosso objetivo de ser um material complementar para despertar interesse, de forma a abordar temas diferentes, utilizando-se de ilustrações, linguagem simples e conexões com o cotidiano.

Tem-se vários exemplos bem sucedidos do uso de cartilhas: Para além da saúde pública, a biologia e a genética se beneficiam do uso de cartilhas educativa, Santos et al. (2024) demonstram que esses materiais são ferramentas para abordar temas complexos como mutações cromossômicas. Utilizando linguagem acessível e elementos visuais, as cartilhas ajudam a desmistificar conceitos complexos e aproximam os estudantes de temas científicos, despertando seu interesse pela área. A narrativa visual pode aumentar o engajamento e a retenção do conhecimento, como no uso de quadrinhos, conforme destacado por Mendonça (2008).

Segundo ainda, Litre et al. (2017) relatam a experiência de uso de materiais educativos para informar agricultores familiares do semiárido nordestino sobre os

riscos climáticos e estratégias de adaptação. Através de uma abordagem simples e ilustrativa, essas cartilhas não apenas transmitem informações, mas também capacitam as comunidades a tomar decisões mais informadas e críticas.

2.3 JUSTIFICATIVA

Pensando na dificuldade de ensino-aprendizagem da genética, torna-se necessário a elaboração e implementação de metodologia ativas para diminuir a distância entre o professor e o aluno. Assim, foi preparada uma cartilha educativa para distribuição em escolas, para alunos do ensino médio, com o intuito de oferecer um material complementar que facilite a compreensão dos conceitos genéticos de forma mais acessível e prática. Essa ferramenta visa contextualizar os conteúdos com situações do cotidiano, utilizando uma linguagem simples e ilustrações que auxiliam na visualização dos conceitos, promovendo o entendimento ao invés da memorização, favorecendo para um aprendizado significativo.

2.4 OBJETIVOS

2.4.1 OBJETIVO GERAL

Desenvolvimento de uma cartilha educativa, com título “Pra que serve o DNA mesmo?”, abordando os três seguintes temas: genética forense, taxonomia de fungos e diagnóstico molecular, com propósito de despertar o interesse e a conexão dos estudantes do Ensino Médio pela área da genética.

2.4.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

1. Fazer um levantamento bibliográfico sobre a concepção dos alunos a respeito da área Genética dentro do ensino de Biologia, bem como avaliar as estatísticas e resultados a respeito das dificuldades encontradas pelos alunos informadas por diferentes autores;
2. Fazer um levantamento bibliográfico sobre os temas: genética forense, taxonomia molecular de fungos, diagnóstico molecular, buscando os conceitos e também as aplicações no cotidiano;

3. Elaborar uma cartilha educativa como meio didático para estudantes do Ensino Médio, utilizando-se de linguagem simples e objetiva e ilustrações acerca dos temas.

2.5 MATERIAIS E MÉTODOS

Para iniciar o trabalho foram delimitados os temas de genética a serem abordados dentro da cartilha, em conjunto com a orientadora em reunião, posteriormente para realizar um levantamento bibliográfico, foram utilizadas as seguintes palavras chaves: genética forense, taxonomia molecular, diagnóstico molecular, ancestralidade, PCR, metodologias ativas de ensino, cartilhas educativas, em diferentes bases de dados, sendo algumas: PubMed, Scielo, CAPES, Google Acadêmico e diferentes revistas específicas para cada tema. Após este momento, foram escolhidos os artigos que fossem atuais, mas também antigos que fossem referência no assunto em questão.

Para determinarmos o público alvo da cartilha, foi feita uma consulta na Base Nacional Comum Curricular (BNCC) para estabelecer a qual ano de ensino poderia ser aplicada a cartilha, de forma a alinhar-se com as competências e habilidades a serem desenvolvidas no respectivo ano. Dessa maneira, concluiu-se que o público alvo ideal seriam os jovens contemplados no Ensino Médio.

Após a seleção dos artigos, foram construídos textos separados sobre os respectivos assuntos: Genética Forense; Diagnóstico Molecular; Taxonomia de Fungos e Cartilhas Educativas, quais foram revisados e alterados conforme sugestões da orientadora, dentro do prazo estabelecido.

Por fim, com os textos organizados e revisados, iniciou-se o processo de elaboração da cartilha em si, para isso foi utilizada a ferramenta “Canva”, um site próprio para elaboração de materiais ilustrativos.

A cartilha conta com 6 diferentes páginas que seguem: Capa (1ª página); Introdução aos temas (2ª página); Desenvolvimento de cada assunto (3ª, 4ª e 5ª página); Conclusão e Referências (6ª página), sendo que esta possui um *QR Code* que leva a uma pasta no *Google Drive* com este trabalho devidamente formatado para mais informações.

O processo de elaboração da cartilha contou com selecionar os tópicos a serem abordados de forma clara e coesa, com linguagem respectiva ao público em questão. Para isso, destacou-se os principais pontos a serem trabalhados dentro de cada tema e usou-se imagens e figuras para chamar a atenção e trazer a ludicidade necessária a uma cartilha.

Para uma possível continuidade do projeto, o ideal seria fazer uma pesquisa com professores e alunos da rede escolar, a fim de trazer a perspectiva desses mesmos para os temas que poderiam ser abordados, as conexões que poderiam ser utilizadas, reforçar qual seria o público alvo, entre outros desdobramentos para a aplicação que só pode ser entendida fora do contexto teórico aqui trazido. No nosso trabalho, por questão de logística e tempo, não fizemos essa abordagem antes de elaborar o material, dessa forma, para materializar-se como um instrumento didático disponível para docentes, seria necessária essa primeira etapa se concretizar para fazer possíveis ajustes.

3 RESULTADOS

3.1 ESCOLHA DE TRÊS GRANDES ÁREAS DA GENÉTICA MOLECULAR PARA FAZER PARTE DA CARTILHA

Propomos uma cartilha educativa com o tema: “Para que serve o DNA mesmo?”, onde seguindo Ribeiro e Queluci (2022), delimitamos os temas a serem abordados, sendo eles: (1) genética forense: área que abrange diferentes faces, mas focaremos nos estudos sobre ancestralidade e criminalística, frequentemente relatados em séries e programas de televisão; (2) diagnósticos moleculares: qual se refere a diagnósticos de doenças infecciosas, genéticas e até mesmo oncológicas, através da investigação do material genético de um organismo, afinal, todos vivenciamos a pandemia da COVID-19, e com isso, houve a disseminação do termo “PCR” ao redor do mundo, mesmo sem saber o que significava; (3) uso do DNA como aliado na identificação e taxonomia de espécies, em particular os fungos: a biologia molecular revolucionou a identificação e classificação de espécies, especialmente as microscópicas, auxiliando nas limitações dos métodos tradicionais, que se baseavam principalmente em características morfológicas, proporcionando uma visão mais detalhada da diversidade intraespecífica.

3.1.1 GENÉTICA FORENSE

A genética forense é uma área científica multifacetada que utiliza técnicas de biologia molecular em investigações criminais, identificação de vítimas e análise de ancestralidade. Desde os primeiros passos na década de 1980, quando a técnica de análise de DNA foi introduzida no campo forense, novas metodologias e aplicações têm se desenvolvido, aprimorando a precisão das investigações, mas também abrem novos horizontes para outros estudos, como o da ancestralidade. De acordo com a análise bibliométrica realizada por Stasi et al. (2023), o campo da genética forense se expandiu substancialmente ao longo dos últimos 40 anos, com um aumento significativo nas publicações científicas, refletindo o progresso científico e a crescente demanda por essas tecnologias.

Frequentemente vemos na televisão a área criminalística, como “*CSI: Crime Scene Investigation*”, onde os personagens investigadores usam provas genéticas para identificar criminosos e solucionar casos complexos. As técnicas se baseiam na análise de material biológico, como sangue, cabelo ou saliva, encontrados em cenas de crime, para identificar suspeitos ou vítimas. Essa aplicação da biologia tem se mostrado fundamental para o avanço das investigações criminais, mas há também diferentes áreas não tão famosas da área forense, como o estudo da ancestralidade.

O estudo da ancestralidade é utilizado não apenas para a identificação individual, mas também para rastrear a origem geográfica e histórica de grupos, através da análise de DNA. Uma ferramenta essencial tem sido a análise de DNA mitocondrial (mtDNA), o qual possui herança matrilinear, isto é, transmitido apenas pela mãe, que o difere do DNA nuclear, que é herdado de ambos os pais, característica que o torna excepcional para estudar a linhagem materna e sistematizar os fluxos migratórios de populações ao longo da história (Phillips, 2015).

De acordo com estudos realizados por Heinz et al. (2017), a atualização contínua das árvores genealógicas mitocondriais é fundamental para uma compreensão mais precisa da evolução das populações humanas, especialmente em contextos de identificação forense. Essas árvores têm sido ferramentas poderosas para analisar o povoamento de diferentes continentes, como a expansão de grupos africanos para outras partes do mundo, um processo que é melhor

compreendido por meio da sequência do mtDNA. De acordo com Phillips (2015), o uso de DNA mitocondrial para traçar a origem geográfica de um indivíduo proporciona uma visão detalhada da história de seus ancestrais, funcionando quase como uma “fotografia genética” das migrações e movimentos populacionais ao longo do tempo.

Esses estudos da ancestralidade pelo viés genético através do mtDNA permite entender melhor as interações entre diferentes grupos ao longo do tempo, dessa forma podemos compreender a complexidade da diversidade genética humana, uma vez que se entende que a população está interconectada por meio dos fluxos de migrações (Jobling, 2022).

Enquanto o estudo da ancestralidade genética nos permite olhar para o passado e compreender como as populações humanas se formaram e se conectaram, as mesmas ferramentas genéticas podem ser aplicadas a contextos atuais e práticos, como na investigação criminal.

Nos últimos anos, a genética forense no Brasil tem ganhado destaque no auxílio à investigação criminal, segundo Silva Júnior (2023), a área tem sido cada vez mais valorizada, principalmente com o aumento do uso de bancos de perfis genéticos e a evolução das técnicas de análise molecular. A área da genética forense, envolve diferentes técnicas da biologia molecular, como o sequenciamento de DNA, o qual tornou-se um dos principais instrumentos nas investigações criminais. O DNA, ácido desoxirribonucleico, é único para cada indivíduo - exceto em gêmeos idênticos - e contém toda a informação genética do mesmo, a qual herdou dos genitores, o que o torna especial para identificação com alta precisão.

Em seres humanos, o DNA é composto por uma sequência de nucleotídeos, e essa sequência varia ligeiramente de pessoa para pessoa. Embora a maior parte do nosso DNA seja idêntica ao dos outros seres humanos, a ordem exata desses nucleotídeos difere de uma pessoa para outra, essas variações são chamadas de polimorfismos, e são essas variações que os peritos forenses analisam para gerar um perfil genético único. Segundo Carneiro da Silva Júnior (2023), a genética forense no Brasil tem se modernizado, com o aumento da utilização dessas tecnologias, que permitem resultados mais rápidos e assertivos.

Um importante recurso da genética forense são os perfis genéticos; esses perfis podem ser comparados com o banco de dados, o que facilita a identificação de criminosos. De acordo com Santiago, Siqueira e Barcelos (2020), o Banco de

Perfis Genéticos têm contribuído significativamente para a resolução de crimes, pois possibilita que amostras de DNA coletadas em cenas de crime sejam comparadas com perfis de pessoas que já cometeram crimes ou que possuem antecedentes, essa ferramenta aumenta a probabilidade de encontrar o criminoso.

No Brasil, a utilização desses bancos é regulamentada pela Lei nº 12.654/2012, que estabelece diretrizes para a criação e o uso de perfis genéticos em investigações criminais. O objetivo é otimizar a resolução de crimes, principalmente em casos de reincidência, permitindo a identificação de suspeitos por meio da análise do DNA encontrado em locais de crime ou em evidências biológicas (Dias Filho; Menezes; Francez, 2020).

A Rede Integrada de Bancos de Perfis Genéticos (RIBPG) e o CODIS (*Combined DNA Index System*) no Brasil são iniciativas que buscam integrar e compartilhar informações genéticas entre diferentes unidades da federação, aumentando a eficácia das investigações criminais. O CODIS, desenvolvido nos Estados Unidos, foi adaptado para o contexto brasileiro por meio da RIBPG, uma plataforma que integra perfis genéticos de diversos estados e permite a comparação de amostras de DNA a nível nacional. Essa rede facilita a busca por coincidências genéticas em casos onde o criminoso não é identificado de imediato, além de permitir a inclusão de amostras de vítimas, ajudando também em investigações de desaparecimentos (Dias Filho; Menezes; Francez, 2020).

Como destaca Santos (2018), a biologia molecular tem sido essencial para a área forense, através de técnicas que incluem a extração, amplificação e sequenciamento de fragmentos de DNA, quando um fio de cabelo é encontrado em uma cena de crime, por exemplo, e contém a raiz, o DNA ali presente pode ser analisado da mesma forma que o de outras amostras biológicas, como sangue. Se a raiz não estiver presente, é possível também realizar a análise com base no DNA mitocondrial encontrado nas células do cabelo, o que ajuda na identificação. O DNA mitocondrial é empregado quando a amostra disponível é muito reduzida ou quando o material para análise é insuficiente, como em casos de corpos em avançado estado de decomposição (Budowle et al., 2003)

O primeiro caso resolvido com o uso da genética na área forense ocorreu em 1986, na cidade de Narborough, Inglaterra, sendo um marco para a história da genética forense. Esse caso envolveu a investigação das vítimas Lynda Mann e Dawn Ashworth, que ocorreram em 1983 e 1986, respectivamente. Inicialmente, um

jovem local confessou o segundo assassinato, mas sua confissão foi considerada inconsistente. Foi quando o geneticista Alec Jeffreys, pioneiro na técnica de impressão digital do DNA, foi chamado para auxiliar na investigação. Utilizando a análise de amostras de sêmen coletadas nas cenas dos crimes, Jeffreys conseguiu identificar perfis genéticos distintos, provando que o mesmo indivíduo era responsável por ambos os crimes e que o jovem que havia confessado era inocente. Este caso foi o primeiro a utilizar o teste de DNA para exonerar um suspeito e, posteriormente, identificar o verdadeiro culpado, Colin Pitchfork, identificado por meio de uma campanha de coleta de amostras de DNA em massa na comunidade local incentivado pela polícia. A importância desse caso, conforme destacado por Barbosa e Romano (2018), reside não apenas na resolução dos assassinatos, mas também na consolidação do DNA como uma ferramenta crucial na ciência forense, transformando a maneira como investigações criminais são conduzidas em todo o mundo.

O processo de análise do DNA começa com a extração, onde o material genético é isolado das células presentes na amostra biológica. Esse passo é crucial, pois a quantidade de DNA extraído precisa ser suficiente para as etapas seguintes. No caso do cabelo, a extração é mais eficiente quando a raiz está presente, pois as células nela contidas oferecem maior quantidade de DNA. Quando a raiz não é encontrada, o DNA mitocondrial, como citado, embora em menor quantidade, ainda pode ser extraído das células capilares. Para resolver essa questão da amostra, entra em ação o processo de amplificação, no qual a quantidade de DNA é aumentada por meio da técnica da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR). A PCR é um método que replica várias cópias de regiões específicas do DNA, tornando possível a análise de amostras que, de outra forma, seriam insuficientes. Usando primers, que são sequências curtas de DNA que se ligam a regiões específicas, o material genético da amostra é replicado, gerando uma quantidade suficiente para as etapas de análise subsequentes.

Com o DNA amplificado, a próxima etapa é o sequenciamento, processo no qual a sequência exata das bases nitrogenadas que compõem o DNA é determinada. Essas bases – adenina (A), timina (T), citosina (C) e guanina (G) – formam a sequência que é única para cada indivíduo. Assim, a combinação dessas técnicas – extração, amplificação e sequenciamento – permite que fragmentos de

DNA, mesmo os encontrados em pequenas ou danificadas amostras, sejam analisados de forma eficaz.

Logo, a formação de profissionais especializados em genética forense é um aspecto crucial para o desenvolvimento dessa área no Brasil, pois é preciso dominar as técnicas moleculares envolvidas para desenvolver os métodos e interpretar os resultados, para isso é preciso que as escolas e as universidades invistam cada vez mais em ensinar Ciências, para uma base sólida no desenvolvimento de assuntos mais aprofundados posteriormente.

Embora os avanços tecnológicos e científicos sejam enormes, existem questões éticas e legais que precisam ser consideradas no uso da genética forense. O acesso a dados genéticos e a manipulação dessas informações devem ser feitos com responsabilidade, para evitar abusos, como a invasão da privacidade das pessoas. A legislação brasileira tem se adaptado a essas novas realidades, mas é um campo que ainda precisa de aperfeiçoamento, como aponta Carneiro da Silva Júnior (2023).

No fim das contas, a genética forense está cada vez mais presente no nosso dia a dia, como aquelas cenas de filmes de investigação que todo mundo adora, além de ajudar a resolver crimes, ela também pode nos guiar sobre as nossas raízes. Com o avanço das tecnologias e a formação de novos especialistas no Brasil, essa área tende a crescer ainda mais.

3.1.2 DIAGNÓSTICO MOLECULAR

A biologia molecular tem promovido uma transformação significativa no âmbito da medicina, particularmente no que se refere a diagnósticos precisos de doenças infecciosas, genéticas e até mesmo oncológicas. Os exames de diagnóstico molecular, que investigam o material genético de um organismo, como o DNA e o RNA, constituem instrumentos essenciais na identificação de doenças, pois possibilitam a detecção de patógenos ou mutações relacionadas a condições genéticas de maneira mais precisa e ágil. Esse tipo de teste é fundamental, por exemplo, na investigação de enfermidades genéticas, como a fibrose cística, assim como na detecção de infecções virais, como a COVID-19, empregando diferentes metodologias.

Os diagnósticos moleculares têm a capacidade de identificar doenças antes que os sintomas apareçam, o que pode ser crucial para o tratamento precoce e eficaz. Ao contrário de testes convencionais, que muitas vezes dependem da observação de sintomas aparentes, os testes moleculares se baseiam no material genético, como o DNA ou o RNA dos microrganismos causadores de infecções ou das células tumorais. Além disso, identificam alterações genéticas ou biomarcadores associados a condições patológicas, o que torna o tratamento mais direcionado. Portanto, esses testes moleculares podem ser mais rápidos e precisos, contribuindo para diagnósticos mais ágeis e assim tratamentos eficazes dos pacientes (Zatz, 2002).

De acordo com Poste (2001), o cenário contemporâneo do diagnóstico molecular pode ser classificado em quatro principais classes, cada uma com aplicações distintas, mas complementares. A primeira categoria “*in vitro* molecular tests” engloba os testes moleculares *in vitro*, utilizados para a detecção e classificação de doenças já existentes, através da identificação de patógenos, mutações genéticas ou biomarcadores em amostras biológicas, como sangue, urina ou tecidos. Um exemplo conhecido são os testes PCR (Reação em Cadeia da Polimerase), que amplificam sequências específicas de DNA, permitindo a detecção de agentes infecciosos ou de mutações genéticas.

A segunda categoria “*dynamic imaging*” diz respeito a geração de imagens que permitem visualizar, em tempo real, a função e a atividade das células e tecidos do corpo humano. Essas tecnologias são frequentemente utilizadas para observar tumores cancerígenos ou acompanhar o progresso de tratamentos. Essas imagens dinâmicas permitem que os médicos monitorem a resposta das células tumorais a terapias específicas, ajudando a ajustar o tratamento conforme necessário. A terceira categoria “*pharmacogenetic tests*” abrange os testes de genotipagem para prever a eficácia de medicamentos através do estudo dos seus genes, e como eles podem afetar a maneira como seu corpo responde a certos medicamentos. Esses testes auxiliam na medicina personalizada, pois ajudam a ajustar os tratamentos com base nas características individuais genéticas de cada paciente, aumentando a eficácia e minimizando os efeitos adversos. Na oncologia, por exemplo, esse método contribui para direcionar aos tratamentos adequados quais terão maior chance de sucesso; além de ser usado para prever a resposta a medicamentos ou em casos de doenças autoimunes.

Por fim, a quarta classe “*Predisposition diagnostic tests*”, avaliam o risco de um indivíduo desenvolver doenças no futuro, baseando-se em sua predisposição genética. Através destes é possível identificar variantes genéticas associadas ao risco de doenças complexas, como câncer, doença de Alzheimer, diabetes, entre outras. Em casos como o câncer hereditário, por exemplo, a análise molecular pode identificar mutações nos genes BRCA1 e BRCA2, que são associados ao câncer de mama e ovário (Coelho et al., 2018).

Ainda segundo Poste (2001), o sequenciamento do genoma humano foi um marco no avanço dessas técnicas, permitindo uma compreensão mais profunda das bases moleculares das doenças e a criação de novas terapias e medicamentos direcionados. No caso do câncer, por exemplo, a identificação de mutações em genes como EGFR e KRAS tem sido fundamental para a personalização de tratamentos e a escolha de terapias específicas para diferentes tipos de tumores, como o colangiocarcinoma (Brown et al., 2022). Esse tipo de câncer raro que origina-se das células das vias biliares, é frequentemente diagnosticado em estágios avançados, o que dificulta seu tratamento eficaz e contribui para altas taxas de mortalidade.

O colangiocarcinoma citado pode ser diagnosticado através de testes moleculares com o uso de biomarcadores moleculares, onde utiliza-se moléculas biológicas que indicam a presença ou o progresso de uma condição específica, incluindo genes e proteínas.

Outro avanço foi o uso de biópsias líquidas e PCR em tempo real, que oferecem alternativas não invasivas para o diagnóstico e acompanhamento de doenças. A biópsia líquida, por exemplo, pode detectar fragmentos de DNA tumoral circulante (ctDNA), permitindo o monitoramento do tratamento e a detecção precoce de recidivas, o que representa um avanço em relação às técnicas tradicionais de biópsia (Brown et al., 2022).

Portanto, fica nítida a importância da atuação do diagnóstico molecular no campo da oncologia. A análise molecular do tumor, através do sequenciamento do DNA, por exemplo, permite a identificação de mutações genéticas específicas que podem ter relação com as fases de desenvolvimento e evolução do câncer. Essa abordagem oferece uma visão detalhada sobre as características moleculares do tumor, o que possibilita a escolha de terapias mais eficazes e personalizadas, adaptadas às particularidades de cada paciente (Dong, 2022).

Dessa forma, o diagnóstico molecular pode ser utilizado para planejar o tratamento de uma doença, monitorar a recorrência da condição ou avaliar o quão bem o tratamento está funcionando. Como citado, existem muitos tipos de testes de diagnóstico molecular, como testes de biomarcadores, testes genéticos, testes de sequenciamento de tumores e biópsias líquidas. Logo, há um movimento crescente em direção à medicina personalizada, que visa adaptar as intervenções terapêuticas às características moleculares e genéticas de cada indivíduo, garantindo, assim, uma abordagem mais eficiente e individualizada no tratamento de diversas doenças.

A medicina personalizada é um campo que visa adaptar os tratamentos médicos às características individuais de cada paciente, levando em consideração fatores como a genética, o ambiente e o estilo de vida, com o objetivo de otimizar a eficácia e reduzir os efeitos adversos. (Goetz; Schork, 2018). O avanço das tecnologias genômicas, como o sequenciamento de DNA permitiram uma compreensão mais aprofundada dos fatores genéticos envolvidos nas doenças. Com a capacidade de sequenciar genomas inteiros e identificar variantes genéticas associadas a diferentes condições, na medicina personalizada é possível prever o risco de doenças e personalizar os tratamentos dessas condições complexas.

Entretanto, a implementação dessa tecnologia possui diversas dificuldades como os altos custos dos testes genéticos e das terapias, a falta de infraestrutura adequada em muitos países e a necessidade de profissionais de saúde capacitados para interpretar os dados genômicos (Goetz; Schork, 2018). Embora já existam avanços notáveis, como as terapias direcionadas no tratamento de certos tipos de câncer, a medicina personalizada ainda está em evolução, e é necessário uma combinação de fatores como pesquisa, inovação e políticas públicas para garantir que os seus benefícios sejam acessíveis e aplicados de forma ampla e eficaz na população.

A própria técnica da PCR foi desenvolvida com o objetivo de melhorar a identificação de uma doença: a anemia falciforme. Na época, a doença era identificada por *Southern Blot*, uma técnica de hibridização de DNA que requer grandes quantidades de DNA, para serem hibridizadas com uma sonda. O teste era eficaz, mas tinha o ponto negativo que os sinais da sonda eram fracos. O inventor da técnica da PCR tinha duas opções, ou aumentava a sensibilidade da sonda, ou amplificava a região de interesse. Ele escolheu a segunda opção (Cavé, 2022). Naquela época, por volta de 1980, o sequenciamento de DNA já era uma prática

rotineira dos laboratórios de biologia molecular. Mullis, usou o mesmo princípio do sequenciamento, e os mesmos reagentes, mas em vez de usar um primer somente, Kary Mullis usou dois primers, um à direita e outro à esquerda, delimitando a zona de amplificação pela DNA polimerase (Mullis et al., 1986). Em reconhecimento ao seu papel na invenção da técnica de PCR, ele dividiu o prêmio Nobel de Química em 1993 com Michael Smith.

O mundo inteiro, na época da pandemia do COVID-19 ouviu falar dessa técnica, pois tornou-se o padrão ouro de identificação de pequenas quantidades do material genético do coronavírus SARS-CoV-2. A técnica detecta o RNA do vírus presente em amostras respiratórias, como secreções nasais ou saliva. Após a coleta da amostra, o RNA viral é extraído e convertido em DNA por meio da transcriptase reversa. Esse DNA é, então, amplificado e identificado, o que permite a confirmação da infecção da doença (Teymouri et al., 2021).

A técnica PCR, crucial para o diagnóstico da COVID-19, é capaz de identificar a presença do vírus até mesmo em pessoas que ainda não manifestam sintomas. Isso é possível porque a PCR amplifica as moléculas de DNA presentes nas amostras, fazendo com que pequenas quantidades de material genético viral sejam suficientes para o diagnóstico (Yüce; Filiztekin; Özkaya, 2021). Esse processo foi importante durante a pandemia, pois possibilitaria o isolamento precoce de casos positivos, evitando a propagação do vírus e permitindo o tratamento mais adequado para os pacientes.

O processo de PCR começa com a preparação do material necessário, incluindo o DNA alvo, primers (pequenos pedaços de DNA que delimitam a região a ser amplificada), nucleotídeos e a enzima DNA polimerase. O primeiro passo é a desnaturação, onde o DNA é aquecido a altas temperaturas (94-98°C) para separar suas duas fitas. Em seguida, ocorre o anelamento, onde a temperatura é reduzida (50-65°C) para permitir que os primers se liguem às sequências complementares nas fitas separadas de DNA. O terceiro passo é a extensão, onde a temperatura é ajustada para cerca de 72°C, e a DNA polimerase adiciona nucleotídeos, sintetizando novas fitas de DNA complementares. Esse ciclo de desnaturação, anelamento e extensão é repetido várias vezes (geralmente 20-40 ciclos), resultando em uma amplificação exponencial do DNA alvo. A PCR tem diversas aplicações na área médica, como diagnóstico de doenças infecciosas, identificação de mutações genéticas e detecção de câncer (Nascimento; Suarez; Pinhal, 2010).

Apesar dos progressos na biotecnologia e genética estarem trazendo vantagens significativas para o diagnóstico molecular, essas técnicas também enfrentam obstáculos. Por exemplo, a disponibilidade de testes moleculares ainda é restrita em certas áreas, particularmente em países em desenvolvimento. Teymouri et al. (2021) abordam a questão do custo e da infraestrutura requerida para a execução desses testes, enfatizando a importância de políticas públicas que assegurem o acesso a esses testes, particularmente durante períodos de crise sanitária mundial, como a pandemia de COVID-19. Além disso, os exames moleculares podem ser complexos e necessitam de profissionais capacitados para a interpretação dos resultados, o que pode complicar sua aplicação em larga escala.

Além do diagnóstico de doenças, a técnica de PCR tornou possível: manipular DNA para a clonagem, engenharia genética e amplificação da região de interesse antes do sequenciamento. Outra variação da técnica é o PCR em tempo real, com a amplificação e detecção simultânea de sequências de DNA (Higuchi et al., 1992).

O uso de testes moleculares também levanta questões éticas, especialmente no que diz respeito ao diagnóstico de doenças genéticas. Segundo Zatz (2002), a identificação de mutações que indicam a predisposição para doenças, como o câncer de mama ou a doença de Alzheimer, pode gerar preocupações sobre como essas informações serão usadas. O diagnóstico precoce de tais condições pode ser útil, mas também pode causar estresse psicológico nos pacientes e suas famílias. Portanto, é importante que os profissionais de saúde considerem os aspectos éticos e emocionais envolvidos no uso dessas tecnologias.

Em resumo, os testes de diagnóstico molecular desempenham um papel essencial na medicina moderna, possibilitando a detecção precoce e precisa de doenças infecciosas, genéticas e até mesmo câncer. A PCR, por exemplo, foi fundamental no diagnóstico da COVID-19, mas outras tecnologias moleculares também têm se expandido, trazendo muitos benefícios para a prática clínica. No entanto, ainda existem desafios, como o acesso limitado e a necessidade de uma interpretação especializada desses testes, que precisam ser superados para garantir que todos possam usufruir dessas inovações. O futuro dos testes moleculares é promissor, com a expectativa de avanços ainda maiores, oferecendo diagnósticos mais rápidos e tratamentos personalizados para uma ampla gama de condições.

3.1.3 USO DO DNA COMO ALIADO NA IDENTIFICAÇÃO E TAXONOMIA DE ESPÉCIES: O CASO DO *CORDYCEPS*

Taxonomia é a ciência que classifica e organiza os seres vivos, agrupando-os de acordo com suas características e relações evolutivas. A biologia molecular revolucionou a identificação e classificação de espécies, especialmente as microscópicas, como no caso dos fungos, auxiliando nas limitações dos métodos tradicionais, que se baseavam principalmente em características morfológicas. A caracterização molecular proporcionou uma visão mais detalhada da diversidade intraespecífica de fungos, superando as limitações da classificação morfológica, que frequentemente resulta em uma subestimação da diversidade genética existente (Manfrino et al., 2024). O uso de técnicas moleculares tem permitido uma compreensão mais precisa da diversidade e da evolução dos fungos, facilitando a identificação e a distinção entre diferentes espécies, muitas das quais são difíceis de diferenciar apenas pela aparência.

Os fungos são organismos extremamente diversos e desempenham papéis vitais nos ecossistemas, como decompositores, simbiontes e patógenos, da mesma forma os fungos patogênicos representam uma ameaça significativa para a agricultura, causando perdas substanciais em culturas de importância alimentar, como o arroz (Sheoran et al., 2021). Porém, devido à sua grande diversidade morfológica e à complexidade dos grupos taxonômicos, a classificação tradicional nem sempre é suficiente para compreender plenamente suas relações evolutivas.

Os bioprodutos da fermentação são muito apreciados por todas as pessoas, desde o pão, cerveja, iogurte e vinho. A fermentação realizada por leveduras e outros fungos é essencial na produção destes alimentos e bebidas, através da conversão dos açúcares em etanol e dióxido de carbono, contribuindo para o sabor e a textura dos produtos. No caso do iogurte, por exemplo, as bactérias lácticas, juntamente com leveduras, convertem os açúcares do leite em ácido láctico, o que confere a consistência cremosa e o sabor característico ao produto.

No início de 1800, os fungos lideraram o caminho da microbiologia moderna e bioquímica. Observando-os com um microscópio, Pasteur foi a primeira pessoa a

observar essas criaturas pequenas e notar suas atividades bioquímicas. Foi ele quem sugeriu o termo enzima (en = dentro; zima = levedura), ao observar a atividade de produtos do metabolismo dos fungos (Thacker, 2003).

Sem dúvida, nenhuma outra série de TV chamou tanta atenção para os fungos quanto a série “*The Last of Us*”, onde pessoas infectadas com fungos se transformavam em zumbis e seguiam infectando outras pessoas. Essa capacidade é verdadeira, mas não com pessoas, mas sim formigas. O fungo em questão é do gênero *Cordyceps*. Na natureza, existem mais de 500 espécies ou variedades destes, e o *Ophiocordyceps unilateralis* é o que age de forma mais parecida com o da série – só que em insetos (Funindex, 2025). Também conhecido como “fungo zumbi”, foi descoberto pelo naturalista britânico Alfred Russel Wallace em 1859, e atualmente é encontrado predominantemente em florestas tropicais, como na Amazônia. Ele infecta formigas-carpinteiras (*Camponotus cruentatus*) que se alimentam de fungos e vivem em locais quentes e úmidos, ambientes que facilitam sua proliferação (Butantan, 2025).

Esse fungo é um exemplo da importância da biologia molecular como ferramenta para auxiliar métodos de classificação de espécies baseados na morfologia. *Cordyceps* tem características bem distintas morfológicas que foram usadas, historicamente, para classificar esse gênero (Mains, 1958), além da gama de hospedeiros (Kobayasi, 1982). Depois da facilidade do uso de ferramentas moleculares, a filogenia foi reclassificada e revelou que *Cordyceps* não é um grupo monofilético (Sung et al., 2007).

Mas a revolução não para por aí, os *Cordyceps* tem duas fases, a fase sexuada e a assexuada, ou vegetativa. Entretanto, a morfologia dessas duas fases é completamente diferente, sendo que a fase sexuada é rara. Alguns fungos, usados mundialmente como agentes de controle biológico foram classificados como *Isaria*, *Beauveria*, baseado na morfologia da fase assexuada, visto que a fase sexuada era desconhecida, por ser tão rara. Recentemente, com base em comparações de sequências de DNA, foi revelado que, na verdade, são espécies de *Cordyceps* (Sung et al., 2006; Shrestha; Sung; Sung, 2017). Esses resultados enfatizam a importância de complementar e estender dados tradicionais sobre morfologia, desenvolvimento, patobiologia, biogeografia e outras características com dados moleculares (Liu et al., 2002, Sung et al., 2006).

O caso do *Cordyceps* é realmente um caso extremo. Ele reflete que a genética molecular é uma ferramenta poderosíssima. Ela permite estudar os fungos a nível genético, utilizando sequências de DNA para classificar e identificar novas espécies, além de entender melhor as relações filogenéticas entre elas. Segundo Thompson et al., 2013, a tipagem molecular tem mostrado ser mais robusta e confiável para a classificação de organismos microbianos, superando as limitações de abordagens morfológicas, que podem ser influenciadas por variações ambientais e de desenvolvimento.

Duas técnicas de biologia molecular usadas em conjunto são o sequenciamento de DNA e a PCR (Reação em Cadeia da Polimerase). Pode-se amplificar regiões específicas do DNA, usadas como identificadores para certos fungos. Após a amplificação, o fragmento gerado pode ser sequenciado ou comparado com perfis genéticos conhecidos, facilitando a identificação precisa das espécies (Sheoran et al., 2021). O RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*), por sua vez, é uma variação da PCR que amplifica fragmentos aleatórios do DNA para gerar perfis genéticos únicos, permitindo comparar diferentes cepas de fungos e analisar sua diversidade genética (Manfrino et al., 2024).

A identificação de fungos ao nível de espécie tem alguns desafios devido a sua grande diversidade em morfologia e ecologia. Assim, desenvolver um sistema de reconhecimento de espécies eficiente, aplicável a todos os fungos, parece difícil (Tekpinar, Kalmer. 2019). Atualmente, sequências de DNA de diferentes regiões têm se tornado dados moleculares poderosos para a rápida identificação de espécimes. Existem vários genes marcadores (ITS, LSU, SSU, COX1, RPB1, RPB2, β -tubulin, MCM7, TEF1- α , γ -actin, ATP6 and CaM genes), aparentemente, a melhor estratégia é usar dois ou mais marcadores para identificação segura (Manfrino et al., 2024; Sheoran et al., 2021).

Uma das principais vantagens de utilizar genética na taxonomia dos fungos é a capacidade de resolver ambiguidades que surgem com a identificação morfológica. Por exemplo, muitas espécies de fungos apresentam características semelhantes, o que torna sua classificação difícil sem o uso de ferramentas moleculares. A genética fornece uma forma mais objetiva de distinguir entre essas espécies, permitindo uma melhor compreensão da diversidade biológica.

O seu uso não se limita à identificação e classificação das espécies, mas também abre portas para o estudo da evolução dos fungos. As análises genéticas




permitem rastrear as relações filogenéticas entre os diferentes grupos de fungos, fornecendo informações valiosas sobre como esses organismos evoluíram e se adaptaram a seus ambientes. Isso é especialmente relevante para entender o comportamento dos fungos patogênicos e suas interações com os hospedeiros.




A combinação entre genética e taxonomia tem gerado uma revolução na biologia dos fungos, trazendo uma compreensão mais precisa e detalhada sobre esses seres incríveis que vivem ao nosso redor. O uso da genética através de técnicas moleculares tem sido essencial para descobrir novas espécies de fungos e também para entender outras já existentes, agregando no conhecimento de como eles afetam a saúde, a agricultura e o meio ambiente. Afinal, a biologia molecular nos mostra que até nas coisas mais simples do dia a dia, há uma ciência incrível por trás.

3.2 APRESENTAÇÃO DA CARTILHA

IMAGEM 1: Frente da Cartilha Educativa “Pra que serve o DNA mesmo?”

PRA QUE SERVE O DNA MESMO?

VOCÊ JÁ PAROU PARA PENSAR COMO O DNA ESTÁ PRESENTE NO SEU DIA A DIA?

A genética se encontra em diversos lugares no nosso cotidiano, não somente dentro das nossas células.

Quando vivenciamos a pandemia da COVID-19, vimos o termo “PCR” por todos os cantos, mesmo sem saber do que se tratava, sabíamos que o teste precisava de uma amostra coletada do nosso nariz.

E o DNA como aliado na investigação criminal? Esses temas despertam o imaginário e rendem histórias de ficção científica como a série de TV: “CSI”

Quem já assistiu ou jogou “The Last of Us”? O fungo retratado na série tem uma história de vida interessantíssima que envolve a genética.


GENÉTICA FORENSE

Existem diversas áreas de estudo da genética forense, aqui focaremos em duas:

ANCESTRALIDADE

Uso do DNA para documentar a história dos nossos antepassados

Através do **DNA Mitochondrial** podemos desvendar as migrações de populações ao longo do tempo, como um mapa genético das suas origens!



Esse DNA é transmitido **apenas pela sua mãe**, tornando-o essencial para entender os movimentos de pessoas e povos ao longo da história.


Dessa forma podemos construir e mapear árvores genealógicas individuais e de grupos!

CRIMINALÍSTICA

O DNA é único para cada pessoa, exceto em gêmeos idênticos. Ele contém todas as informações genéticas que herdamos de nossos pais e é usado para criar **perfis genéticos** que ajudam a resolver crimes com precisão

Através de amostras coletadas nas cenas de crimes como cabelos, sangue ou sêmen, é feita a **análise de DNA**

Foi Juan Vucetich, um policial argentino, quem idealizou o primeiro sistema eficaz de identificação por impressões digitais, em 1892. Utilizado até hoje em documentações em diversos países.




Fonte: Autoria própria.

IMAGEM 2: Verso da Cartilha Educativa “Pra que serve o DNA mesmo?”


TAXONOMIA DE FUNGOS

A taxonomia é a ciência que **classifica** e organiza os seres vivos em grupos com base em suas características, aliada da filogenia molecular

Antigamente, a taxonomia era baseada nas características **morfológicas**, isso é, da aparência externa do indivíduo




Fungos representam um desafio a taxonomia convencional, pois a fase reprodutiva (cogumelo) é muito diferente da fase de crescimento (micélio).



Baseado na morfologia, alguns fungos foram erroneamente classificados como sendo duas ou três espécies diferentes, enquanto na verdade era uma só. **Esse enigma foi resolvido com o uso do DNA.**

Esse avanço permitiu repensar as classificações e revelar uma **diversidade de fungos** que antes não imaginávamos existir.

O fungo do gênero *Cordyceps*, famoso pela série “*The Last Of Us*”, é um exemplo.



Através de estudos com o DNA dessa espécie, foi possível desvendar que esse grupo possui **diferentes ancestrais**, o que levou a uma reclassificação.

na vida real, esses fungos infectam somente formigas e outros insetos, controlando seu comportamento.

DIAGNÓSTICO MOLECULAR

Uso de técnicas que utilizam o material genético para identificar diferentes doenças e predisposições genéticas.


Qual o diferencial?

Identifica doenças antes mesmo dos sintomas aparecerem, possibilitando um **tratamento precoce**

Permite diagnósticos **mais precisos** do que os exames convencionais

Auxilia na escolha de **tratamentos personalizados**

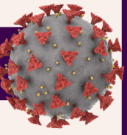
Como exemplos temos os testes moleculares *in vitro*; imagens dinâmicas; testes farmacogenéticos; testes de predisposição genética.




A técnica **PCR** (Reação em Cadeia da Polimerase), ficou famosa na pandemia pela COVID-19 e é um exemplo de teste molecular *in vitro*. Vamos entender como ela funciona?

PCR: amplifica fragmentos de DNA ou RNA, permitindo detectar microrganismos e mutações genéticas. Dessa forma, é possível detectar a presença do RNA do coronavírus SARS-CoV-2.

A amostra é coletada através do nariz ou garganta, com um *swab* (cotonete).




A técnica PCR é considerada **Padrão Ouro**, isto é, o mais preciso para a detecção do vírus SARS-CoV-2




Portanto, podemos concluir que o DNA não está apenas dentro de nós: ele está em tudo ao nosso redor.

Está na herança ancestral que carregamos, na comida que comemos, na ciência que salva vidas e até mesmo nas histórias que nos fascinam em filmes e jogos. É como um fio invisível que conecta a vida em todas as suas formas.



PARA SABER MAIS...



Essa cartilha foi desenvolvida por **Manuella Filgueiras**, como parte do Trabalho de Conclusão do Curso de Licenciatura em Ciências Biológicas, da Universidade Federal de São Carlos. Manu faz parte do “*DNApraQ?*” uma iniciativa de divulgação científica.

@dnapraque @ufscaroficial

Fonte: Autoria própria.

4 CONCLUSÃO

Portanto, concluímos que o ensino de genética nas escolas têm sido alvo de estudos há vários anos, levantando questões a respeito da abordagem utilizada para tratar desse tema com os estudantes, que por sua vez possuem diferentes dificuldades no aprendizado da matéria, sendo estas diretamente relacionadas com a quantidade de termos e conceitos abstratos passados por metodologias passivas.

Dessa maneira, as metodologias ativas vêm como grandes aliadas para efetivar de fato a aprendizagem, possibilitando que os alunos possam relacionar os conteúdos com o cotidiano, promovendo de fato o entendimento e não apenas “decorar”. Esperamos que a cartilha educativa construída neste trabalho possa servir como um instrumento facilitador neste processo, transformando o ensino de genética em uma experiência mais dinâmica e permitindo que os alunos se envolvam com o conteúdo.

Ao integrar métodos que favorecem a reflexão crítica e a aplicação prática dos conceitos, a aprendizagem torna-se mais significativa e acessível. Com isso, a cartilha proposta não apenas complementa o material didático tradicional, mas também atua como um apoio visual e didático que torna o processo de aprendizagem mais eficaz diante das dificuldades apontadas.

5 REFERÊNCIAS

ALIX-PANABIÈRES, Catherine; PANTEL, Klaus. Clinical Applications of Circulating Tumor Cells and Circulating Tumor DNA as Liquid Biopsy. **Cancer Discovery**, [S.L.], v. 6, n. 5, p. 479-491, 1 maio 2016. American Association for Cancer Research (AACR). <http://dx.doi.org/10.1158/2159-8290.cd-15-1483>. Disponível em: <https://aacrjournals.org/cancerdiscovery/article/6/5/479/5481/Clinical-Applications-of-Circulating-Tumor-Cells>. Acesso em: 08 fev. 2025.

AMORIM, António; FERNANDES, Teresa; TAVEIRA, Nuno. Mitochondrial DNA in human identification: a review. *Peerj*, [S.L.], v. 7, p. 7314, 13 ago. 2019. **PeerJ**. <http://dx.doi.org/10.7717/peerj.7314>. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC6697116/>. Acesso em: 08 fev. 2025.

ARAÚJO, Mateus Lavor; MATOS, Renata Fernandes de. PERCEPÇÃO DOS ALUNOS QUANTO AO PROCESSO DE APRENDIZAGEM EM GENÉTICA NO ENSINO MÉDIO E SUPERIOR. **Científic@ - Multidisciplinary Journal**, [S.L.], v. 8, n. 1, p. 1-8, 17 mar. 2021. Associação Educativa Evangélica. <http://dx.doi.org/10.37951/2358-260x.2021v8i1.5565>. Disponível em: <https://revistas.unievangelica.edu.br/index.php/cientifica/article/view/5565>. Acesso em: 08 fev. 2025.

BARBOSA, R. P.; ROMANO, L. H. História e importância da genética na área forense. **Revista saúde em foco**, v. 10, p. 300-307, 2018. Disponível em: https://portal.unisepe.com.br/unifia/wp-content/uploads/sites/10001/2018/06/041_Hist%C3%B3ria_e_Import%C3%A2ncia_da_Genetica_Forense.pdf. Acesso em: 08 fev. 2025.

BARNI, Graziela dos Santos. **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)**. 2010. 184 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Ciências Naturais e Matemática, Universidade Regional de Blumenau, Blumenau, 2010. Disponível em: <http://www.ensinosuperior.sed.sc.gov.br/wp-content/uploads/2013/10/Graziela-dos-Santos-Barni.pdf>. Acesso em: 08 fev. 2025.

BRASIL. Ministério da Educação. **Base Nacional Comum Curricular**. Brasília, 2018. Disponível em: <http://download.basenacionalcomum.mec.gov.br>. Acesso em: 8 fev. 2025.

BROWN, Zachary J. *et al.* Molecular diagnostics and biomarkers in cholangiocarcinoma. **Surgical Oncology**, [S.L.], v. 44, p. 101851, set. 2022. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.suronc.2022.101851>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36126350/>. Acesso em: 08 fev. 2025.

BUDOWLE, Bruce *et al.* Forensics and Mitochondrial DNA: applications, debates, and foundations. **Annual Review Of Genomics And Human Genetics**, [S.L.], v. 4,

n. 1, p. 119-141, set. 2003. Annual Reviews.
<http://dx.doi.org/10.1146/annurev.genom.4.070802.110352>. Disponível em:
<https://www.annualreviews.org/content/journals/10.1146/annurev.genom.4.070802.110352>. Acesso em: 08 fev. 2025.

BUTANTAN. Fungo de The Last of Us não é perigoso na vida real e alguns do mesmo gênero são remédios. 2023. Disponível em:
<https://butantan.gov.br/noticias/fungo-de-the-last-of-us-nao-e-perigoso-na-vida-real-e-alguns-do-mesmo-genero-sao-remedios>. Acesso em: 08 fev. 2025.

CAVÉ, Hélène. The polymerase chain reaction, so simple, so clever: the discovery that made minimal residual disease come true. **Haematologica**, [S.L.], v. 107, n. 8, p. 1737-1738, 1 ago. 2022. Ferrata Storti Foundation (Haematologica).
<http://dx.doi.org/10.3324/haematol.2022.281413>. Disponível em:
<https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC9335092/>. Acesso em: 08 fev. 2025.

COELHO, Aline Silva *et al.* Hereditary predisposition to breast cancer and its relation to the BRCA1 and BRCA2 genes: literature review. **Revista Brasileira de Análises Clínicas**, [S.L.], v. 50, n. 1, p. 17-21, abr. 2018. Revista Brasileira de Análises Clínicas. <http://dx.doi.org/10.21877/2448-3877.201800615>. Disponível em:
<https://www.rbac.org.br/wp-content/uploads/2018/06/RBAC-vol-50-1-2018-ref-615.pdf>. Acesso em: 08 fev. 2025.

COOLEY, Ashley M.. Mitochondrial DNA Analysis. **Methods In Molecular Biology**, [S.L.], p. 331-349, 2023. Springer US.
http://dx.doi.org/10.1007/978-1-0716-3295-6_20. Disponível em:
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/37439991/>. Acesso em: 08 fev. 2025.

COURT, Denise Syndercombe. Mitochondrial DNA in forensic use. **Emerging Topics In Life Sciences**, [S.L.], v. 5, n. 3, p. 415-426, 10 ago. 2021. Portland Press Ltd.. <http://dx.doi.org/10.1042/etls20210204>. Disponível em:
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34374411/>. Acesso em: 09 fev. 2025.

CUNHA, Marcia Borin da *et al.* METODOLOGIAS ATIVAS: em busca de uma caracterização e definição. **Educação em Revista**, [S.L.], v. 40, e39442, 2024. FapUNIFESP (SciELO). <http://dx.doi.org/10.1590/0102-469839442>. Disponível em:
<https://www.scielo.br/j/edur/a/cSQY74VPYPJCvNLQdv4HZYn/>. Acesso em: 09 fev. 2025.

DIAS FILHO, Claudemir Rodrigues; MENEZES, Meiga Aurea Mendes; FRANCEZ, Pablo Abdon da Costa. História da Genética Forense. In: DIAS FILHO, Claudemir Rodrigues *et al.* **Introdução à Genética Forense**. S/L: Juspodivm, 2020. Cap. 1. p. 1-12. Disponível em:
https://juspodivmdigital.com.br/cdn/arquivos/mil0024_previa-do-livro.pdf. Acesso em: 09 fev. 2025., 2020.

DONG, Fei. The Medical Practice of Molecular Oncology Diagnostics. **Clinics In**

Laboratory Medicine, [S.L.], v. 42, n. 3, p. 13-14, set. 2022. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.cll.2022.06.001>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0272271222000488?via%3Dihub>. Acesso em: 09 fev. 2025.

FONSECA, Sandra Medeiros; MATTAR, Joao. Metodologias ativas aplicas à educação a distância: revisão da literatura. **Revista Edapeci**, [S.L.], v. 17, n. 2, p. 185-197, 13 set. 2017. Revista EDAPECI. <http://dx.doi.org/10.29276/redapeci.2017.17.26509.185-197>. Disponível em: <https://periodicos.ufs.br/edapeci/article/view/6509>. Acesso em: 09 fev. 2025.

FREIRE, Paulo. **Pedagogia da autonomia: saberes necessários à prática educativa**. 25. ed. São Paulo: Editora Paz e Terra, 1996.

FREIRE, Paulo. **Pedagogia do oprimido**. 42. ed. Rio de Janeiro: Paz e Terra, 2005. 213 p. ISBN 8521900058.

FUNINDEX. ***Ophiocordyceps unilateralis* e outras espécies de *Cordyceps***. Disponível em: <http://194.131.255.3/cabipages/names/names.asp>. Acesso em: 12 jan. 2025.

GOETZ, Laura H.; SCHORK, Nicholas J.. Personalized medicine: motivation, challenges, and progress. **Fertility And Sterility**, [S.L.], v. 109, n. 6, p. 952-963, jun. 2018. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.fertnstert.2018.05.006>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0015028218304072>. Acesso em: 09 fev. 2025.

GOMES, Sheila Freitas; PENNA, Juliana Coelho Braga de Oliveira; ARROIO, Agnaldo. Fake News Científicas: percepção, persuasão e letramento. **Ciência & Educação (Bauru)**, [S.L.], v. 26, p. e20018, 2020. FapUNIFESP (SciELO). <http://dx.doi.org/10.1590/1516-731320200018>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/ciedu/a/bW5YKH7YdQ5yZwkJY5LjTts/>. Acesso em: 02 fev. 2025.

HEINZ, Tanja *et al.* Updating the African human mitochondrial DNA tree: relevance to forensic and population genetics. **Forensic Science International: Genetics**, [S.L.], v. 27, p. 156-159, mar. 2017. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.fsigen.2016.12.016>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1872497316302496>. Acesso em: 09 fev. 2025.

HIGUCHI, Russell; DOLLINGER, Gavin; WALSH, P. Sean; GRIFFITH, Robert. Simultaneous Amplification and Detection of Specific DNA Sequences. **Bio/Technology**, [S.L.], v. 10, n. 4, p. 413-417, abr. 1992. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1038/nbt0492-413>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/1368485/>. Acesso em: 09 fev. 2025.

JOBLING, Mark A.. Forensic genetics through the lens of Lewontin: population structure, ancestry and race. **Philosophical Transactions Of The Royal Society B: Biological Sciences**, [S.L.], v. 377, n. 1852, p. 20200422, 18 abr. 2022. The Royal Society. <http://dx.doi.org/10.1098/rstb.2020.0422>. Disponível em: <https://royalsocietypublishing.org/doi/full/10.1098/rstb.2020.0422>. Acesso em: 09 fev. 2025.

LEAL, Cristianni; MEIRELLES, Rosane; RÔÇAS, Giselle. O QUE ESTUDANTES DO ENSINO MÉDIO PENSAM SOBRE GENÉTICA? Concepções discentes baseada na Análise de conteúdo. **Revista Eletrônica Científica Ensino Interdisciplinar**, [S.L.], v. 5, n. 13, p. 71-86, 27 fev. 2019. Revista Eletronica Científica Ensino Interdisciplinar. <http://dx.doi.org/10.21920/recei720195137186>. Disponível em: <https://periodicos.apps.uern.br/index.php/RECEI/article/view/1658>. Acesso em: 09 fev. 2025.

LI, Chengtao. Forensic genetics. **Forensic Sciences Research**, [S.L.], v. 3, n. 2, p. 103-104, 3 abr. 2018. Oxford University Press (OUP). <http://dx.doi.org/10.1080/20961790.2018.1489445>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/30483657/>. Acesso em: 09 fev. 2025.

LITRE, Gabriela *et al.* O desafio da comunicação da pesquisa sobre riscos climáticos na agricultura familiar: a experiência de uso de cartilha educativa no semiárido nordestino. **Desenvolvimento e Meio Ambiente**, [S.L.], v. 40, 30 abr. 2017. Universidade Federal do Parana. <http://dx.doi.org/10.5380/dma.v40i0.49069>. Disponível em: <https://revistas.ufpr.br/made/article/view/49069>. Acesso em: 09 fev. 2025.

LIU, Zuo-Yi *et al.* Molecular evidence for the anamorph—teleomorph connection in *Cordyceps sinensis*. **Mycological Research**, [S.L.], v. 105, n. 7, p. 827-832, jul. 2001. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1017/s095375620100377x>. Disponível em: <https://www.cambridge.org/core/journals/mycological-research/article/abs/molecular-evidence-for-the-anamorph-teleomorph-connection-in-cordyceps-sinensis/AED2EDA63B7C59EA34A39C404FB3DF3C>. Acesso em: 09 fev. 2025.

LOPES, Karoline Duarte; SILVA, Cirlande Cabral da. Percepções de Alunos do Ensino Médio Quanto aos Conceitos Fundamentais da Genética Básica: um estudo de caso. **Revista de Ensino, Educação e Ciências Humanas**, [S.L.], v. 19, n. 1, p. 2, 18 abr. 2018. Editora e Distribuidora Educacional. <http://dx.doi.org/10.17921/2447-8733.2018v19n1p2-9>. Disponível em: <https://revistaensinoeducacao.pgskroton.com.br/article/view/4673>. Acesso em: 09 fev. 2025.

MANFRINO, Romina *et al.* Molecular taxonomic characterization and infra-specific diversity of entomopathogenic *Beauveria bassiana* fungi from Argentina. **Fungal Biology**, [S.L.], v. 128, n. 3, p. 1800-1805, maio 2024. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.funbio.2024.04.003>. Disponível em:

<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1878614624000485>. Acesso em: 09 fev. 2025.

MARTEIS, Letícia Silva; STEFFLER, Lizandra Makowski; SANTOS, Roseli La Corte dos. Abordagem sobre Dengue na educação básica em Sergipe: análise de cartilhas educativas. **Scientia Plena**, [S. l.], v. 7, n. 6, 2011. Disponível em: <https://scientiaplenu.org.br/sp/article/view/191>. Acesso em: 9 fev. 2025.

MENDES, Marina Muniz; MARICATO, João de Melo. Das apresentações públicas às redes sociais. **Comunicação & Informação**, [S.L.], v. 23, 3 abr. 2020. Universidade Federal de Goiás. <http://dx.doi.org/10.5216/ci.v23i.49959>. Disponível em: <https://revistas.ufg.br/ci/article/view/49959>. Acesso em: 08 fev. 2025.

MENDONÇA, Marcia Rodrigues de Souza. **Ciência em quadrinhos: recurso didático em cartilhas educativas**. 2008. 238 f. Tese (Doutorado) - Curso de Letras, Universidade Federal de Pernambuco, Recife, 2008. Disponível em: <https://repositorio.ufpe.br/handle/123456789/7265>. Acesso em: 09 fev. 2025.

MULLIS, Kary B.. The Unusual Origin of the Polymerase Chain Reaction. **Scientific American**, [S.L.], v. 262, n. 4, p. 56-65, abr. 1990. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1038/scientificamerican0490-56>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/2315679/>. Acesso em: 09 fev. 2025.

MULLIS, K. *et al.* Specific Enzymatic Amplification of DNA In Vitro: the polymerase chain reaction. **Cold Spring Harbor Symposia On Quantitative Biology**, [S.L.], v. 51, p. 263-273, 1 jan. 1986. Cold Spring Harbor Laboratory. <http://dx.doi.org/10.1101/sqb.1986.051.01.032>. Disponível em: <https://symposium.cshlp.org/content/51/263.extract>. Acesso em: 09 fev. 2025.

NASCIMENTO, Sabrina; SUAREZ, Eloah Rabello; PINHAL, Maria Aparecida da Silva. Tecnologia de PCR e RT-PCR em tempo real e suas aplicações na área médica. **Revista Brasileira de Medicina**, v. 67, p. 7-19, 2010. Disponível em: <https://pesquisa.bvsalud.org/portal/resource/pt/lil-568284>. Acesso em: 09 fev. 2025

PHILLIPS, Chris. Forensic genetic analysis of bio-geographical ancestry. **Forensic Science International: Genetics**, [S.L.], v. 18, p. 49-65, set. 2015. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.fsigen.2015.05.012>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1872497315300168>. Acesso em: 09 fev. 2025.

POSTE, George. Molecular diagnostics: a powerful new component of the healthcare value chain. **Expert Review Of Molecular Diagnostics**, [S.L.], v. 1, n. 1, p. 1-5, maio 2001. Informa UK Limited. <http://dx.doi.org/10.1586/14737159.1.1.1>. Disponível em: <https://www.tandfonline.com/doi/pdf/10.1586/14737159.1.1.1>. Acesso em: 09 fev. 2025.

RAJA, Huzefa A. *et al.* Fungal Identification Using Molecular Tools: a primer for the natural products research community. **Journal Of Natural Products**, [S.L.], v. 80, n. 3, p. 756-770, 15 fev. 2017. American Chemical Society (ACS). <http://dx.doi.org/10.1021/acs.jnatprod.6b01085>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28199101/>. Acesso em: 09 fev. 2025.

RIBEIRO, Larissa Artimos; QUELUCI, Gisella de Carvalho. **Passo a passo para elaboração de cartilhas**. 2022. Universidade Federal do Estado do Rio de Janeiro (UNIRIO). Disponível em: <https://educapes.capes.gov.br/handle/capes/704485>. Acesso em: 09 fev. 2025.

SAIKI, Randall K. *et al.* Enzymatic Amplification of β -Globin Genomic Sequences and Restriction Site Analysis for Diagnosis of Sickle Cell Anemia. **Science**, [S.L.], v. 230, n. 4732, p. 1350-1354, 20 dez. 1985. American Association for the Advancement of Science (AAAS). <http://dx.doi.org/10.1126/science.2999980>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/2999980/>. Acesso em: 09 fev. 2025.

SANTIAGO, Matheus Cavalcante; SIQUEIRA, Barbara Oliveira; BARCELOS, Rejane da Silva Sena. Uso e Benefício da Biologia Molecular nas Ciências Forenses e sua Aplicação no Banco de Perfis Genéticos. **Revista Brasileira de Criminalística**, [S.L.], v. 9, n. 2, p. 95-104, 8 jul. 2020. Associação Brasileira de Criminalística - ABC. <http://dx.doi.org/10.15260/rbc.v9i2.342>. Disponível em: <https://revista.rbc.org.br/index.php/rbc/article/view/342>. Acesso em: 09 fev. 2025.

SANTOS, Anderson Eduardo dos. As principais linhas da biologia forense e como auxiliam na resolução de crimes. **Revista Brasileira de Criminalística**, [S.L.], v. 7, n. 3, p. 12-20, 31 out. 2018. Associação Brasileira de Criminalística - ABC. <http://dx.doi.org/10.15260/rbc.v7i3.190>. Disponível em: <https://revista.rbc.org.br/index.php/rbc/article/view/190>. Acesso em: 09 fev. 2025.

SANTOS, Gabriela Severina Dos et al. **Cartilha sobre mutações cromossômicas para o ensino de biologia**. Anais IX CONEDU... Campina Grande: Realize Editora, 2023. Disponível em: <<https://editorarealize.com.br/artigo/visualizar/99207>>. Acesso em: 09 fev. 2025.

SATO, Hiroki; BAN, Sayaka; HOSOYA, Tsuyoshi. Reassessment of type specimens of Cordyceps and its allies, described by Dr. Yosio Kobayasi and preserved in the mycological herbarium of the National Museum of Nature and Science. Part 4. Cordyceps s. l. on Lepidoptera. **Mycoscience**, [S.L.], v. 64, n. 1, p. 40-46, 26 dez. 2022. The Mycological Society of Japan. <http://dx.doi.org/10.47371/mycosci.2022.09.004>. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC10025073/>. Acesso em: 09 fev. 2025.

SCHNEIDER, Eduarda Maria; JUSTINA, Lourdes Aparecida Della; MEGLHIORATTI, Fernanda Aparecida. A percepção de alunos do ensino médio em relação a interação geneorganismo-ambiente. In: **VIII ENPEC-Encontro Nacional de Pesquisa em Educação em Ciências, I CIEC-Congreso Iberoamericano de**

Investigacion en Enseñanza de las Ciencias. 2011.

SHEORAN, Neelam *et al.* Genome assisted molecular typing and pathotyping of rice blast pathogen, *Magnaporthe oryzae*, reveals a genetically homogenous population with high virulence diversity. **Fungal Biology**, [S.L.], v. 125, n. 9, p. 733-747, set. 2021. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.funbio.2021.04.007>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34420700/>. Acesso em: 09 fev. 2025.

SHRESTHA, Bhushan; SUNG, Gi-Ho; SUNG, Jae-Mo. Current nomenclatural changes in *Cordyceps sensu lato* and its multidisciplinary impacts. **Mycology**, [S.L.], v. 8, n. 4, p. 293-302, 2 out. 2017. Informa UK Limited. <http://dx.doi.org/10.1080/21501203.2017.1386242>. Disponível em: <https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/21501203.2017.1386242#abstract>. Acesso em: 09 fev. 2025.

SILVA JUNIOR, Ronaldo Carneiro da. Panorama atual da Genética Forense no Brasil: aspectos tecnológicos, legais e estratégicos. **Revista Brasileira de Criminalística**, [S.L.], v. 12, n. 2, p. 99-106, 26 abr. 2023. Associação Brasileira de Criminalística - ABC. <http://dx.doi.org/10.15260/rbc.v12i2.636>. Disponível em: <https://revista.rbc.org.br/index.php/rbc/article/view/636>. Acesso em: 08 fev. 2025.

SILVA, Mayara Maria da; SILVA, Alisson Justino Alves da; SALES, Witalo da Silva. GENÉTICA FORENSE E SUA CONTRIBUIÇÃO NA INVESTIGAÇÃO CRIMINAL NO BRASIL: revisão crítica de literatura. **Revista Foco**, [S.L.], v. 16, n. 11, p. 3658, 22 nov. 2023. South Florida Publishing LLC. <http://dx.doi.org/10.54751/revistafoco.v16n11-135>. Disponível em: <https://ojs.focopublicacoes.com.br/foco/article/view/3658>. Acesso em: 09 fev. 2025.

STASI, Alessandro *et al.* Forty years of research and development on forensic genetics: a bibliometric analysis. **Forensic Science International: Genetics**, [S.L.], v. 63, p. 102826, mar. 2023. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.fsigen.2023.102826>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1872497323000017>. Acesso em: 09 fev. 2025.

STENSRUD, Øyvind; HYWEL-JONES, Nigel L.; SCHUMACHER, Trond. Towards a phylogenetic classification of *Cordyceps*: its nrDNA sequence data confirm divergent lineages and paraphyly. **Mycological Research**, [S.L.], v. 109, n. 1, p. 41-56, jan. 2005. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1017/s095375620400139x>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0953756208613726>. Acesso em: 09 fev. 2025.

SUNG, Gi-Ho *et al.* Phylogenetic classification of *Cordyceps* and the clavicipitaceous fungi. **Studies In Mycology**, [S.L.], v. 57, p. 5-59, 2007. Westerdijk Fungal Biodiversity Institute. <http://dx.doi.org/10.3114/sim.2007.57.01>. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC2104736/>. Acesso em: 09 fev. 2025.

SUNG, Jae-Mo *et al.* Cordyceps bassiana and Production of Stromata in vitro Showing Beauveria Anamorph in Korea. **Mycobiology**, [S.L.], v. 34, n. 1, p. 1-6, 31 mar. 2006. Sociedade Coreana de Micologia.
<http://dx.doi.org/10.4489/MYCO.2006.34.1.001>. Disponível em:
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24039462/>. Acesso em: 09 fev. 2025.

TEIXEIRA, Lucimara de Sousa; GUAZZELLI, Dalva Célia Henriques Rocha. Aprendizagem ativa: experiências e pesquisas com metodologias ativas. **Eccos – Revista Científica**, [S.L.], n. 66, p. 1-7, 19 set. 2023. University Nove de Julho.
<http://dx.doi.org/10.5585/eccos.n66.24391>. Disponível em:
<https://periodicos.uninove.br/eccos/article/view/24391>. Acesso em: 09 fev. 2025.

TEKPINAR, Ayten Dizkirici; KALMER, Aysenur. Utility of various molecular markers in fungal identification and phylogeny. **Nova Hedwigia**, [S.L.], v. 109, n. 1-2, p. 187-224, 17 ago. 2019. Schweizerbart.
http://dx.doi.org/10.1127/nova_hedwigia/2019/0528. Disponível em:
https://www.schweizerbart.de/papers/nova_hedwigia/detail/109/91513/Utility_of_various_molecular_markers_in_fungal_identification_and_phylogeny. Acesso em: 09 fev. 2025.

TEMP, Daiana Sonego; CARPILOVSKY, Cristiane Kohler; GUERRA, Leonan. Cromossomo, gene e DNA. **Genética na Escola**, [S.L.], v. 6, n. 1, p. 9-11, 15 ago. 2011. Sociedade Brasileira de Genética.
<http://dx.doi.org/10.55838/1980-3540.ge.2011.110>. Disponível em:
<https://geneticanaescola.com.br/revista/article/view/110>. Acesso em: 08 fev. 2025.

TEYMOURI, Manoucher *et al.* Recent advances and challenges of RT-PCR tests for the diagnosis of COVID-19. **Pathology - Research And Practice**, [S.L.], v. 221, p. 153443, maio 2021. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.prp.2021.153443>. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33930607/>. Acesso em: 09 fev. 2025.

THOMPSON, Cristiane C. *et al.* Microbial Genomic Taxonomy. **Trends In The Systematics Of Bacteria And Fungi**, [S.L.], p. 168-178, 21 dez. 2020. CABI.
<http://dx.doi.org/10.1079/9781789244984.0168>. Disponível em:
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24365132/>. Acesso em: 09 fev. 2025.

WALLACE, Alfred Russel. **The Malay Archipelago: The Land of the Orang-utan and the Bird of Paradise**. Londres: Macmillan, 1869.

YÜCE, Meral; FILIZTEKIN, Elif; ÖZKAYA, Korin Gasia. COVID-19 diagnosis —A review of current methods. **Biosensors And Bioelectronics**, [S.L.], v. 172, p. 112752, jan. 2021. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.bios.2020.112752>. Disponível em:
<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0956566320307405>. Acesso em: 09 fev. 2025.

ZATZ, Mayana. A biologia molecular contribuindo para a compreensão e a prevenção das doenças hereditárias. **Ciência & Saúde Coletiva**, [S.L.], v. 7, n. 1, p. 85-99, 2002. FapUNIFESP (SciELO).
<http://dx.doi.org/10.1590/s1413-81232002000100008>. Disponível em:
<https://www.scielo.br/j/csc/a/QPDCC7QbHmDDpgGS8rNtBFH/abstract/?lang=pt>.
Acesso em: 09 fev. 2025.