

# APLICAÇÃO PRÁTICA DO DIAGRAMA DA ÁRVORE DE POSSIBILIDADES PARA DEFINIR AS COMBINAÇÕES GENOTÍPICAS, CONSIDERANDO AS TONALIDADES DA ÍRIS DO OLHO HUMANO ENTRE GERAÇÕES FAMILIARES

Mauro Osvaldo Medeiros<sup>1</sup>

Sueli Maria Alves<sup>1</sup>

Marcelo Teiji Kimura<sup>2</sup>

**RESUMO:** A Árvore de Possibilidades, conhecida também como Árvore de Probabilidade, é uma ferramenta gráfica utilizada para abordar problemas de análise combinatória. Através de diagramas, ela organiza e visualiza de maneira clara todas as combinações e permutações de certos eventos. A estratégia se fundamenta na avaliação da distribuição das amostras de combinações genotípicas que são passíveis de serem vistas entre familiares, embasando-se no exame do diagrama de árvore de possibilidades que se conectam às variadas cores da íris humana, ligando esse estudo às proporções descritas por Mendel. O presente estudo sugere um modelo educacional focado na coleta de dados a partir de amostras determinadas pela aparência física, com destaque para a compreensão da herança poligênica. A pesquisa se fundamenta na análise da distribuição amostral de combinações genotípicas ligadas às diversas cores da íris humana, ligando essas observações às proporções mendelianas. Para facilitar o entendimento dessas variações, utilizou-se o conceito da Árvore de Possibilidades como uma ferramenta educacional fundamental. A implementação desse recurso no modelo de ensino mostrou ser crucial para auxiliar os alunos a entenderem corretamente os diagramas apresentados e aprofundar seu conhecimento sobre o assunto. O emprego de tabelas para ilustrar as possíveis ramificações da árvore de possibilidades, juntamente com representações visuais das tonalidades da íris, cujas características eram facilmente reconhecidas pelos alunos, contribuiu muito para a compreensão do espaço amostral das classes genotípicas, destacando os diversos resultados relacionados ao grau de parentesco entre famílias.

**Palavras-chave:** Árvore de Possibilidades, Árvore Genealógica, Genes Aditivos, Cor da Íris do Olho Humano.

## PRACTICAL APPLICATION OF THE POSSIBILITY TREE DIAGRAM TO DEFINE GENOTYPIC COMBINATIONS, CONSIDERING THE SHADES OF THE HUMAN EYE IRIS ACROSS FAMILY GENERATIONS.

**ABSTRACT:** The Tree of Possibilities, also known as the Probability Tree, is a graphical tool used to address combinatorial analysis problems. Through diagrams, it clearly organizes and visualizes all combinations and permutations of certain events. The strategy is based on evaluating the distribution of genotypic combination samples that can be seen among family members, relying on the examination of the tree of possibilities diagram that connects to the various colors of the human iris, linking this study to the proportions described by Mendel. This study suggests an educational model focused on data collection from samples determined by physical appearance, highlighting the understanding of polygenic inheritance. The research is based on the analysis of the sample distribution of genotypic combinations linked to the various colors of the human iris, connecting these observations to Mendelian proportions. To facilitate the understanding of these variations, the concept of the Tree of Possibilities was used as a fundamental educational tool. The implementation of this resource in the teaching model proved crucial in helping students correctly understand the diagrams presented and deepen their knowledge of the subject. The use of tables to illustrate the possible branches of the tree of possibilities, along with visual representations of iris shades, whose characteristics were easily recognized by the students, greatly contributed to the understanding of the sample space of genotypic classes, highlighting the various results related to the degree of kinship between families.

**Keywords:** Tree of Possibilities, Family Tree, Additive Genes, Human Eye Iris Color.

<sup>1</sup> Professor Associado do Dep. Biologia ICEN/CUR/UFMT: maurosvaldo@bol.com.br; sumalves@yahoo.com.br;

<sup>2</sup> Biólogo/UFMT/CUR/UFMT - Rondonópolis, MT., marcelokimura99@gmail.com

## INTRODUÇÃO

Para compreender melhor os padrões de herança genética e mapear a ocorrência de características específicas dentro de uma família, o uso de representações gráficas na forma de uma árvore genealógica com as informações de diferentes gerações torna-se uma ferramenta valiosa. Essas árvores funcionam como planilhas estruturadas que auxiliam estudantes e pesquisadores a registrar e analisar dados genéticos dos indivíduos da família, facilitando tanto a identificação de padrões quanto a realização de previsões fundamentadas. Uma planilha de árvore genealógica permite acompanhar e estudar os traços hereditários entre membros da família, oferecendo uma representação visual clara das conexões familiares. Isso habilita os pesquisadores a registrar e examinar a presença ou ausência de certas características ao longo das gerações. Com base nessas informações, é possível identificar padrões de herança e estimar a probabilidade de determinadas características serem transmitidas para as próximas gerações.

A probabilidade é um ramo da ciência amplamente integrado ao cotidiano, envolvendo situações com múltiplos resultados possíveis e favoráveis. Este estudo aborda os princípios da probabilidade no contexto da herança quantitativa, também conhecida como poligênica, caracterizada pela interação de diversos pares de alelos na determinação do fenótipo. Um exemplo expressivo desse tipo de herança é a variação na coloração da íris humana. Os traços genéticos herdados manifestam-se de maneira contínua, com alelos não aditivos reduzindo a produção de melanina, enquanto alelos aditivos estimulam sua síntese. A combinação distinta entre esses alelos, que favorecem ou inibem a melanina, resulta na ampla diversidade de características fenotípicas observadas. Nessas circunstâncias, os cálculos probabilísticos tornam-se mais desafiadores, e uma estratégia eficaz para explorá-los inclui o uso de representações gráficas. Compreender os conceitos de probabilidade em Genética é essencial, uma vez que a falta desse entendimento básico pode comprometer o aprendizado dos demais tópicos e padrões de herança abordados no conteúdo educacional.

Os diagramas de árvore constituem ferramentas extremamente úteis para análises que envolvem probabilidades condicionais, permitindo a visualização e resolução desses tipos de problemas de forma clara e organizada. Funcionam como representações gráficas que estruturam os possíveis resultados de um experimento, com "ramificações" identificadas por frequências ou probabilidades. Esse modelo visual facilita o entendimento e torna os cálculos relacionados à probabilidade mais acessíveis e intuitivos. Para ilustrar sua aplicação, será apresentado um caso prático demonstrando como essa técnica pode ser utilizada de maneira eficiente por meio de um diagrama de árvore. Conforme Esteves (2001), questões relacionadas à análise combinatória podem ser mais bem compreendidas com abordagens que dispensam o uso de fórmulas prontas, como árvores de possibilidades, tabelas, diagramas ou enumerações, em concordância com as sugestões de Chevallard (1999).

Herman et al. (2013) destacam que a compreensão dos conceitos de genética é, muitas vezes, desafiadora devido à sua complexidade. Para superar essas barreiras e facilitar o aprendizado, torna-se indispensável a adoção de atividades dinâmicas que promovam maior assimilação por meio de ferramentas e metodologias inovadoras. Lima et al. (2012) aponta que, ao aplicar um modelo didático interativo, o professor não apenas estimula a participação e o pensamento crítico dos alunos, mas também amplia o uso de diferentes competências e introduz novas abordagens pedagógicas. Essas metodologias, frequentemente ausentes em escolas convencionais, têm o potencial de tornar o processo de aprendizagem mais relevante e envolvente. Nesse contexto, o modelo coloca o estudante no centro do processo de construção do conhecimento, enquanto o professor assume o papel de criar situações que incentivem e simplifiquem a compreensão, como sugerido por Querudino et al. (2011).

O quadro de Punnett é reconhecido como uma ferramenta essencial no ensino da herança genética, especialmente ao abordar a análise de um único par de genes (monoibridismo) ou de

dois pares simultaneamente (diíbrido). Contudo, sua utilização se torna significativamente mais complexa ao lidar com três ou mais pares de genes (triíbrido ou poliíbrido), tornando mais viável o emprego de cálculos probabilísticos baseados em eventos independentes. Nesse cenário, um ensino de biologia eficiente, com foco em genética, deve fazer uso de recursos didáticos que integrem teoria e prática, facilitando o processo de aprendizagem para os estudantes. A ausência de um suporte pedagógico adequado pode levar a equívocos conceituais e dificultar a compreensão dos conteúdos. Por isso, é crucial que os professores estejam devidamente preparados para trabalhar com esses materiais, demonstrando segurança em sua aplicação e conhecimento sobre o uso adequado dos mesmos. Para amplificar os benefícios na aprendizagem dos alunos, é imprescindível um planejamento pedagógico bem estruturado, que fortaleça as competências docentes no manejo de tais recursos, contribuindo de forma significativa para o entendimento do conteúdo por parte dos estudantes (PARANÁ, 2018).

O uso de modelos didáticos representativos é amplamente reconhecido, com diversos autores destacando sua contribuição para a facilitação do aprendizado (COLOMBARI & MELO, 2006; CASTELÃO & AMABIS, 2008; MENDONÇA & SANTOS, 2011; DUSO, 2012; FERREIRA et al., 2013; VALADARES, PEREIRA, ALMEIDA, (2014); KLAUBERG, 2015; MEDEIROS et al., 2021 e 2022; MEDEIROS, ALVES, KIMURA, 2022; 2023; 2024; 2025). Contudo, também indicam que o ensino e a aprendizagem em genética enfrentam desafios devido ao elevado nível de abstração dos conceitos e à falta de recursos didáticos que possam facilitar o entendimento. Esses fatores frequentemente resultam em desinteresse e desmotivação por parte dos alunos, dificultando tanto a contextualização quanto a compreensão dos diversos temas relacionados à genética.

Dentro desse contexto biológico, analisar um exemplo concreto de uma característica humana poligênica se torna um desafio, principalmente porque seria necessário monitorar dezenas, ou até centenas, de diferentes pares de alelos. No entanto, com base nos estudos realizados por Justina & Ferla (2006); Duso Vilhena et al. (2010 e 2012); Della & Ferla (2013); Medeiros et al. (2021 e 2022); e Medeiros, Alves e Kimura (2022; 2023; 2024; 2025), propomos um modelo didático voltado à coleta de dados a partir de amostras definidas pela aparência física. Esse modelo considera os diferentes graus de pigmentação da íris humana, observáveis em populações de distintas regiões geográficas ao redor do mundo. Dessa forma, busca-se ilustrar como múltiplos genes, cujos alelos influenciam cumulativamente na expressão de uma única característica, possibilitam uma gradação contínua de fenótipos. Essa abordagem demonstra que, conforme os genótipos se aproximam ou se distanciam de determinados extremos, surge uma ampla variação, resultando em um espectro diversificado de características fenotípicas.

Um dos fatores que contribuíram para o êxito do trabalho de Mendel foi a aplicação de métodos matemáticos baseados em probabilidade para interpretar os resultados de seus experimentos. Ele foi pioneiro ao introduzir a estatística no estudo das características hereditárias, utilizando conceitos de proporções e probabilidades (FREIRE-MAIA, 1995; BEIGUELMAN (2008); LOPES & ROSSO, 2010; AMABIS & MARTHO, 2010; GRIFFITHS et al., 2005; 2013; 2016).

A Árvore de Possibilidades, também conhecida como Árvore de Probabilidade, é um recurso empregado na resolução de problemas de análise combinatória. Por meio de diagramas ilustrativos, essa técnica organiza visualmente todas as combinações e permutações possíveis de certos eventos. Nesse cenário, o estudo atual propõe um modelo educacional que visa ilustrar os processos matemáticos da probabilidade aplicados à Genética, focando na compreensão da herança poligênica. A estratégia se baseia na análise da distribuição das amostras de combinações genotípicas observáveis entre familiares. Isso é fundamentado na análise do

diagrama de árvore de possibilidades, que se relaciona às diferentes cores da íris humana, conectando essa pesquisa às proporções descritas por Mendel.

## MATERIAL E MÉTODOS

O modelo didático (Figura 1 e Tabelas 1 a 4) foram desenvolvidos com o objetivo de simular uma análise comparativa entre sete diferentes classes fenotípicas relacionadas à cor da íris humana. Nesse modelo, cada alelo contribui com uma quantidade específica de pigmento, gerando fenótipos distintamente variados. Para facilitar a compreensão dessas variações, foi utilizada uma abordagem baseada nos conceitos de Árvore de Possibilidades, também conhecida como Árvore de Probabilidade, uma ferramenta utilizada para solucionar problemas relacionados à análise combinatória.

Este modelo de ensino promove a interdisciplinaridade entre Biologia e Matemática e serve aos licenciandos em biologia como importante ferramenta para facilitar o entendimento da probabilidade aplicada à Genética Quantitativa e, assim, desfazendo o mito da complexidade desse conteúdo para o estudante.

O estudo envolveu 28 alunos do Curso de Licenciatura em Ciências Biológicas, pertencente ao Instituto de Ciências Exatas e Naturais. Entre os participantes, 36,0% eram do sexo masculino e 64,0% do sexo feminino, com idades variando entre 18 e 36 anos.

Para compreensão da herança poligênica, com destaque para a determinação das probabilidades de fórmulas genotípicas, apoiando-se na análise da distribuição amostral de fenótipos associados às diversas tonalidades da íris humana, foi elaborado uma sequência didática dividida em duas aulas, de 50 minutos/cada. A atividade de investigação foi organizada em dois momentos, da seguinte forma:

Na aula inicial, com duração de cinquenta minutos, aconteceu uma apresentação introdutória sobre o assunto em questão, permitindo aos alunos se familiarizarem, entenderem e se interessarem pelo tema. O destaque foi em aprender sobre elementos da genética que tratam de heranças poligênicas ou quantitativas. Este campo investiga como é possível usar técnicas estatísticas para avaliar as contribuições de genes aditivos na variação dos fenótipos. Discutiuse como essas abordagens analisam distribuições contínuas de fenótipos e estimam o número de genótipos esperados conforme a quantidade de genes que influenciam uma característica específica. Foi oferecido um conjunto de idéias para prever a chance de um descendente receber uma das variações fenotípicas graduais ligadas à coloração da íris dos olhos humanos, com base na quantidade de genes que determinam as nuances das cores.

Na segunda aula, que também durou cinquenta minutos, foi realizado um experimento prático. Utilizou-se um heredograma para representar visualmente os possíveis resultados probabilísticos. Com o suporte da análise de cruzamentos 1 x 2, 3 x 4 e 5 x 6 na árvore genealógica e nas características dos filhos, observou-se que as pessoas numeradas como 1 e 4 possuem íris de cor marrom, enquanto as numeradas como 2 e 3 têm íris azul. Por fim, os números 5 e 6 referem-se a indivíduos com íris de tom âmbar.

### Sequência de ensino simulada

Conforme a meta estabelecida, as sequências de ensino (Tabelas 1 a 3 e Figura 1) foram criadas após diversas investigações, atuando como representações educacionais e fontes de dados que deveriam ser acessíveis, manipuláveis, criadas e aplicadas de forma simples pelos alunos de biologia. Isso permitirá que desenvolvam uma consciência crítica, senso de responsabilidade e apreciação pela pesquisa, características fundamentais para formar um estudante competente. A abordagem adotada foi a observação (Figuras 1) e a coleta de

informações em uma pesquisa (Tabelas 1 e 2), utilizando o diagrama de árvore (Tabela 3), que é um conceito matemático com várias utilizações em genética. Isso auxilia na determinação da chance de gerar descendentes com diferentes categorias fenotípicas e genotípicas, de acordo com o casal, identificado pelos números 5 e 6.

### O conteúdo histórico apresentado aos alunos






A coloração da íris ocular é uma característica cuja hereditariedade é poligênica, representando uma forma de variação contínua onde diversos alelos de múltiplos genes afetam a cor final dos olhos. Isso se dá através da síntese de proteínas que regulam a quantidade de melanina acumulada na íris.

A tonalidade da íris humana, segundo Venturieri e Rosa (2010), varia de azul claro a verde e quase negro. Entretanto, a íris humana não possui pigmentos que sejam explicitamente azuis, verdes ou pretos. A coloração dos olhos é definida pela repartição de um único pigmento marrom, chamado melanina, que também é responsável pelas cores da pele e do cabelo. A íris é composta por duas camadas de pigmento: uma mais interna e outra externa. Quando a camada externa apresenta baixa ou nenhuma quantidade de pigmento, a íris parece azul. Esse fenômeno acontece devido à dispersão da luz na superfície da camada externa, que contrasta com o fundo escuro rico em melanina, semelhante ao motivo pelo qual o céu parece azul devido à dispersão da luz no ar em relação ao espaço escuro. Com um aumento da melanina na camada externa, a coloração da íris pode mudar para verde (resultado da mistura do azul com marrom claro), marrom e, em casos extremos, quase preto. A produção desse pigmento na camada externa da íris é potencialmente regulada por dois ou mais pares de genes, sendo que cada gene apresenta dois alelos com dominância incompleta. Essa interação entre os genes pode resultar em sete tipos diferentes de cores de íris: marrom, castanho, avelã, âmbar, verde, cinza e azul.








### Modelo didático: Tabelas 1, 2 e 3 e Figura 1.

Anteriormente, as Tabelas 1, 2 e 3, junto com a Figura 1, foram entregues a todos os alunos em cópias impressas em papel A4. A Tabela 1 foi criada para ilustrar os níveis de pigmentação, apresentando uma distribuição contínua das variações fenotípicas que são atribuídas a fatores genéticos, incluindo os genes aditivos. Neste quadro, os alunos devem, através dos diferentes fenótipos, reconhecer as combinações de genes aditivos e não aditivos presentes em cada atributo físico, além de anotar o total de genes aditivos e não aditivos que estão envolvidos.

**Tabela 1. Número de alelos que participam da variação contínua dos fenótipos de acordo com a ação aditiva dos genes.**

Classes Fenotípicas							
	Marrom	Castanho	Avelã	Âmbar	Verde	Cinza	Azul
Nº Genes Aditivos							
Nº Genes Não Aditivos							
Nº Total de Genes							

**Tabela 2. Identificação das combinações genóticas possíveis resultantes da expressão dos genes alelos aditivos e não aditivos, relacionadas às cores da íris humana: marrom, castanho, avelã, âmbar, verde, cinza e azul.**

Fenótipos da íris dos olhos			Combinações genóticas possíveis
1		Marrom	
2		Castanho	
3		Avelã	
4		Âmbar	
5		Verde	
6		Cinza	
7		Azul	

**Determinação do Espaço Amostral associado aos indivíduos homozigotos (par de alelos iguais) e heterozigotos (par de alelos diferentes).**

A Tabela 3 foi elaborada utilizando a metodologia do diagrama de árvore para mostrar de forma visual todas as variantes possíveis dentro de um conjunto amostral, além de estimar as probabilidades das classes genóticas que podem aparecer entre os descendentes do cruzamento marcado como 5 x 6 na árvore genealógica (Figura 1). O diagrama de árvore, que é frequentemente chamado de árvore de probabilidades, atua como uma ilustração gráfica que inclui todas as combinações possíveis de traits físicos originados de um cruzamento genético, juntamente com suas probabilidades associadas. Nesse tipo de diagrama, cada resultado (nó) se ramifica em outros resultados possíveis (ramos) até chegar a conclusões finais. A representação de todos os caminhos através de uma árvore de possibilidades é uma abordagem baseada na análise combinatória, que permite apresentar todos os caminhos possíveis, além de esclarecer o conjunto amostral pertinente ao experimento.

**Como fazer um diagrama de árvore**

Para criar um diagrama de árvore, você pode seguir etapas simples:

Primeiro, trace um ramal para cada resultado potencial. Estes serão as opções iniciais, ou a primeira geração de ramos. Em seguida, adicione a chance de cada evento próximo ao seu respectivo ramo. No final de um desses ramos iniciais, insira um nó. A partir desse ponto, desenhe os ramos que ilustram os possíveis eventos subsequentes. Assim como fez com os primeiros ramos, some as probabilidades dos eventos que emergem de cada nó. Repita essas etapas até alcançar os nós finais, que correspondem a todos os resultados possíveis do experimento. É importante notar que o número de ramos em um nível não precisa ser o mesmo que em outro nível. Além disso, a quantidade de ramos que saem de um resultado pode mudar, mesmo no mesmo nível.



previamente analisados, considerando as classes fenotípicas extremas da coloração da íris do olho humano (Tabela 1 e 2). Para a avaliação das classes fenotípicas e genotípicas resultantes do cruzamento (5 x 6), foi desenvolvido um diagrama de árvore ou de possibilidades, que serve para representar visualmente todas as combinações possíveis dentro de um espaço amostral e calcular suas respectivas probabilidades.

## RESULTADO E DISCUSSÃO


Com o avanço dos estudos sobre genética, os cientistas perceberam que as características dos seres vivos podem ser influenciadas por vários genes, um conceito conhecido como herança quantitativa ou poligênica. Essa descoberta foi fundamental para entender como a interação entre esses genes dá origem às diferentes cores de íris nos olhos humanos.

A relação entre os genes que controlam a cor da íris, por meio de herança poligênica, acontece de forma gradual. Existem dois fenótipos extremos, como a íris azul e a íris marrom. À medida que diferentes alelos vão sendo combinados no genótipo, as cores da íris vão mudando lentamente, passando por tons de cinza, verde, âmbar, avelã e castanho.

Para descobrir quantos pares de genes têm papel na regulação das variações de cor da íris, é preciso contar as expressões fenotípicas como indicado na Tabela 1, diminuir um desse total e, em seguida, dividir a cifra obtida por dois. Na situação apresentada na Tabela 1, a quantidade de características fenotípicas diferentes, que vão do marrom ao azul, é igual a sete. Dessa forma, chega-se à conclusão de que três conjuntos de genes, ou seja, seis alelos, estão envolvidos na geração dessas sete distintas manifestações fenotípicas: marrom, castanho, avelã, âmbar, verde, cinza e azul. Assim, à medida que mais genes participam da definição de uma característica, mais variações fenotípicas podem ser observadas para essa característica. Nota-se também que esses genes não demonstram uma relação de domínio ou de recessão entre si, e isso possibilita essa diferenciação progressiva dos fenótipos à medida que se aproximam ou se distanciam de um extremo genético.

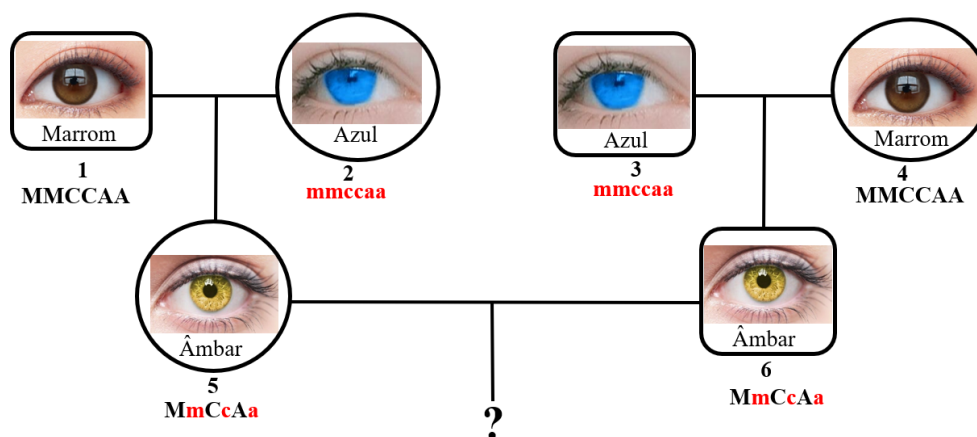
Na Tabela 4, é apresentado o cálculo que ilustra essa interação. Os genótipos responsáveis por cada fenótipo mostram que a íris de cor marrom, com a maior quantidade de pigmentação, provém de 6 genes aditivos que são dominantes, enquanto a íris azul, com a menor quantidade de pigmentação, resulta de 6 genes que não são aditivos e são recessivos. Por exemplo, a íris de cor marrom está associada a 5 genes que atuam de forma aditiva e 1 que não é aditivo; a íris cor avelã é resultado da interação de 4 genes aditivos e 2 que não são aditivos; a tonalidade âmbar é originada por 3 genes aditivos e 3 não aditivos; a íris verde resulta da combinação de 2 genes aditivos e 4 não aditivos; finalmente, a íris cinza é gerada a partir de 1 gene aditivo e 5 não aditivos. Nesse formato, cada gene aditivo, simbolizado por letras em caixa alta, terá uma contribuição igual para a elevação da intensidade da coloração. Os alelos recessivos, representados por letras minúsculas, não têm efeito fenotípico. Esse sistema opera de acordo com a idéia de que cada alelo tem uma influência fenotípica discreta, que é combinada com os impactos dos outros alelos que estão presentes. É fundamental ressaltar que os efeitos dos alelos atuam de forma autônoma uns em relação aos outros (RAMALHO et al., 1994).

**Tabela 4. Valor individual dos alelos que contribuem para a variação contínua das expressões fenotípicas conforme ação aditiva de genes.**

Classes Fenotípicas							
	Marrom	Castanho	Avelã	Âmbar	Verde	Cinza	Azul
Nº Genes Aditivos	6	5	4	3	2	1	0
Nº Genes Não Aditivos	0	1	2	3	4	5	6
Nº Total de Genes	6	6	6	6	6	6	6

Na Figura 1, com base na análise das tonalidades de cores da íris do olho dos cruzamentos 1 x 2, 3 x 4 e 5 x 6 que simbolicamente apresentam diferenças fenotípicas influenciadas pelo número de genes aditivos e não aditivos, sendo que, as pessoas indicadas pelos números 1 e 4, apresentam cor da íris do olho marrom, as indicadas pelos números 2 e 3, apresentam cor da íris do olho azul. As indicadas pelos números 5 e 6, apresentam cor da íris do olho âmbar. Portanto, o genótipo foi inferido de acordo com sua constituição homocigota ou heterocigota identificadas por três pares de genes que atuam em conjunto para determinar as configurações genotípicas da íris do olho humano. No caso, as cores básicas da íris são condicionadas por três pares de genes: M/m, C/c e A/a. Os genes M, C e A são responsáveis pela adição de pigmento, enquanto os genes m, c e a são responsáveis pela não adição de pigmento.

Assim, os indivíduos indicados pelos números 1 e 4, apresentam cor da íris do olho marrom e genótipos MMCCAA, pois apresentam produção máxima de pigmento. Os indicados pelos números 2 e 3, apresentam cor da íris do olho azul e genótipos mmccaa, apresentam produção mínima de pigmento. Já os indicados pelos números 5 e 6, apresentam cor da íris do olho âmbar e genótipos MmCcAa, resultando em uma mistura de genes aditivos e não aditivos.



**Figura 2. Representação gráfica na forma de uma árvore genealógica com informação dos laços biológicos que existem entre os diferentes membros de três gerações de uma família hipotética para demonstrar as possibilidades de combinação entre os alelos e a proporção genotípica esperada.**

Na Figura 1, ao observar as tonalidades da íris nos olhos da combinação 5 x 6, nota-se que a cor âmbar é resultante da ação de três pares de genes heterocigotos (MmCcAa). Isso indica que os genitores podem ter filhos com íris que exibem diversos fenótipos, como marrom, castanho, avelã, âmbar, verde, cinza e azul, unicamente devido à interação dos diferentes alelos,

sendo que os genes M, C e A favorecem a presença de pigmento, enquanto m, c e a estão ligados à ausência de pigmento.

Depois de descobrir as configurações genéticas dos indivíduos 5 e 6, no cruzamento  $MmCcAa \times MmCcAa$ , temos a chance de demonstrar como as relações genéticas se estabelecem para a descendência do casal, além de indicar as probabilidades de cada fenótipo relacionado à cor dos olhos, fazendo uma conexão com as proporções de Mendel.

As Tabelas 2, 3 e 4 demonstram a implementação prática deste método por meio de um diagrama em formato de árvore, que está organizado e dividido com base no espaço amostral. Além disso, destacam-se as classes genotípicas referentes à cor da íris humana, que incluem os tons de marrom, castanho, avelã, âmbar, verde, cinza e azul, correspondendo, respectivamente, às expressões dos alelos: M/m, C/c e A/a com ação aditiva: quanto mais alelos dominantes (M, C, A), maior a concentração de pigmento. Cruzando-se dois indivíduos com genótipo  $MmCcAa$ , espera-se que os descendentes apresentem distribuição quantitativa da característica.

Assim como uma árvore na natureza, um gráfico de árvore em matemática se expande e se ramifica. Isso é reconhecido como um recurso extremamente valioso na área da genética. Ao estruturar os dados desta maneira, que se relaciona com as representações dos alelos: M/m, C/c e A/a, poderemos identificar e contabilizar de maneira simplificada todas as combinações genotípicas que podem surgir na geração (5 x 6). Assim, para calcular a quantidade de combinações genotípicas relacionadas às cores da íris humana: marrom, castanho, avelã, âmbar, verde, cinza e azul, seguimos a seguinte ordem:

1) É confirmado que o perfil genético do par 5 x 6 consiste em três híbridos ( $MmCcAa \times MmCcAa$ ).

2) Procede-se à divisão dos pares de genes alelos heterozigóticos presentes no perfil genético, analisando cada par de alelos individualmente. Nesta combinação, detectamos três conjuntos distintos de genes alelos: M, C e A (letras maiúsculas que simbolizam os genes dominantes), e m, c e a (letras minúsculas que simbolizam os genes recessivos).

3) Para estimar a quantidade de genótipos distintos que emergirão na geração resultante deste cruzamento, utilizaremos as seguintes operações:

3.1) Divisão do cruzamento e avaliação do número de genótipos para cada situação:

$Mm \times Mm$  resulta em 3 genótipos (MM, Mm, mm)

$Cc \times Cc = 3$  variantes genéticas (CC, Cc, cc)

$Aa \times Aa$  corresponde a três genótipos (AA, Aa, aa).

3.2) A multiplicação da quantidade de genótipos obtidos resulta em um total de genótipos distintos na geração resultante do cruzamento efetuado:

$3 \cdot 3 \cdot 3 = 27$  genótipos diferentes.

Portanto, temos 27 combinações genéticas distintas para uma pessoa nascida do cruzamento do casal mencionado (5 x 6).

4) Para calcular a quantidade total de combinações genéticas que ilustram o cruzamento (5 x 6), o gráfico em árvore de possibilidades começaria com:

4.1) Ponto de partida MM (Tabela 5).

4.2) Um ramo de MM que se une a CC, Cc e cc.

4.3) De CC, ramos que se juntam a AA, Aa e aa.

4.4) De Cc, ramos que se conectam a AA, Aa e aa.

4.5) De cc, ramos que se associam a AA, Aa e aa.

Em seguida, são estabelecidas as ligações que unem os conjuntos de genes. Cada percurso que vai da raiz (ponto inicial MM) até as extremidades dos ramos simboliza uma configuração distinta de alelos. Isso levaria a nove possíveis variações (Tabela 5). A ilustração de todos os caminhos através da árvore de opções (Tabela 5) é baseada em uma técnica de contagem combinatória, a qual facilita a visualização de todas as rotas possíveis e esclarece o

espaço amostral (genótipos) relacionado às combinações esperadas entre os alelos na descendência do par 5 x 6 (Figura 1).

**Tabela 5. Representação das categorias genótípicas em todos os nove caminhos possíveis pela árvore de possibilidades quando a classe genotípica começa com o par de genes MM.**

MM	CC	AA	→	MMCCAA
		Aa	→	MMCCAa
		aa	→	MMCCaa
	Cc	AA	→	MMCcAA
		Aa	→	MMCcAa
		aa	→	MMCcaa
	cc	AA	→	MMccAA
		Aa	→	MMccAa
		aa	→	MMccaa

- 5.1) Ponto de partida Mm (Tabela 6).
- 5.2) Um ramo de Mm que se une a CC, Cc e cc.
- 5.3) De CC, ramos que se juntam a AA, Aa e aa.
- 5.4) De Cc, ramos que se conectam a AA, Aa e aa.
- 5.5) De cc, ramos que se associam a AA, Aa e aa.

Em seguida, são estabelecidas as ligações que unem os conjuntos de genes. Cada percurso que vai da raiz (ponto inicial Mm) até as extremidades dos ramos simboliza uma configuração distinta de alelos. Isso levaria a nove possíveis variações (Tabela 6). A ilustração de todos os caminhos através da árvore de opções (Tabela 6) é baseada em uma técnica de contagem combinatória, a qual facilita a visualização de todos os caminhos possíveis e esclarece o espaço amostral (genótipos) relacionado às combinações esperadas entre os alelos na descendência do par 5 x 6 (Figura 1).

**Tabela 6. Representação das categorias genótípicas em todos os nove caminhos possíveis pela árvore de possibilidades quando a classe genotípica começa com o par de genes Mm.**

Mm	CC	AA	→	MmCCAA
		Aa	→	MmCCAa
		aa	→	MmCCaa
	Cc	AA	→	MmCcAA
		Aa	→	MmCcAa
		aa	→	MmCcaa
	cc	AA	→	MmccAA
		Aa	→	MmccAa
		aa	→	Mmccaa

- 6.1) Ponto de partida mm (Tabela 5).
- 6.2) Um ramo de mm que se une a CC, Cc e cc.

- 6.3) De CC, ramos que se juntam a AA, Aa e aa.
- 6.4) De Cc, ramos que se conectam a AA, Aa e aa.
- 6.5) De cc, ramos que se associam a AA, Aa e aa.

Em seguida, são estabelecidas as ligações que unem os conjuntos de genes. Cada percurso que vai da raiz (ponto inicial mm) até as extremidades dos ramos simboliza uma configuração distinta de alelos. Isso levaria a nove possíveis variações (Tabela 7). A ilustração de todos os caminhos através da árvore de opções (Tabela 7) é baseada em uma técnica de contagem combinatória, a qual facilita a visualização de todas as rotas possíveis e esclarece o espaço amostral (genótipos) relacionado às combinações esperadas entre os alelos na descendência do par 5 x 6 (Figura 1).







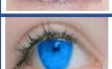
**Tabela 7. Representação das categorias genóticas em todos os nove caminhos possíveis pela árvore de possibilidades quando a classe genótica começa com o par de genes mm.**

mm	CC	AA	mmCCAA
		Aa	mmCCaA
		aa	mmCCaa
	Cc	AA	mmCcAA
		Aa	mmCcAa
		aa	mmCcaa
	cc	AA	mmccAA
		Aa	mmccAa
		aa	mmccaa

Na Tabela 7, são apresentadas as configurações genéticas das sete categorias fenóticas (marrom, castanho, avelã, âmbar, verde, cinza e azul), onde para cada imagem foi avaliado o total de combinações possíveis que poderiam ser obtidas em relação às quantificações de genes aditivos e não aditivos de pigmentos de melanina, que definem a categoria fenotípica da coloração da íris daquela imagem ocular. Para determinar as configurações genóticas factíveis entre os alelos aditivos (M, C e A) que determinam a produção de grande quantidade de pigmentos de melanina e não aditivos (m, c e a) que não acrescentam pigmentos a íris do olho, é necessário apenas realizar as combinações entre os pares de genes (Tabelas 5, 6 e 7).

Assim, teremos: 1 genótipo com fenótipo marrom (MMCCAA), 3 genótipos com fenótipo castanho (MMCCaA, MMcCAa e MmCCAA), 6 genótipos com fenótipo avelã (MMCCaa, MMcCAa, MmccAA, MmCcAA, MmCCaA e mmCCAA), 7 genótipos com fenótipo âmbar (MMcCaa, MMccAa, MmCCaa, MmCcAa, MmccAA, mmCCaA e mmCcAA), 6 genótipos com fenótipo verde (MMccaa, MmccAa, MmCcaa, mmCCaa, mmCcAa e mmccAA), 3 genótipos com fenótipo cinza (Mmccaa, mmCcaa e mmccAa) e 1 genótipo com fenótipo azul (mmccaa).

**Tabela 8. Categorias genóticas possíveis associadas a cada classe fenotípica da íris do olho humano.**

Fenótipos da íris dos olhos			Combinações genóticas possíveis
1		Marrom	MMCCAA
2		Castanho	MMCCaA MMccAA MmCCAA
3		Avelã	MMCCaa MMccAa MMccAA MmCcAA MmCCaA mmCCAA
4		Âmbar	MMcCaa MMccAa MmCCaa MmCcAa MmccAA mmCCaA mmCcAA
5		Verde	MMccaa MmccAa MmCcaa mmCCaa mmCcAa mmccAA
6		Cinza	Mmccaa mmCcaa mmccAa
7		Azul	mmccaa

**Obtenção das proporções das combinações genóticas e fenotípicas realizada por meio do diagrama de ramificação associado ao casal 5 x 6.**

O diagrama de árvore é um mapa dos possíveis resultados de uma série de escolhas relacionadas. Permite que o casal 5 x 6 (Figura 1) compare possíveis ações com base em probabilidades. Pode ser usada para mapear uma classe genotípica ou fenotípica que prevê a melhor escolha, matematicamente. Assim, um diagrama de árvore é usado para representar graficamente todos os resultados possíveis em um espaço amostral e calcular suas probabilidades.

Na genealogia (Figura 1), observou-se o fenótipo, e o genótipo foi inferido de acordo com sua constituição homocigota ou heterocigota identificadas por três pares de genes que atuam em conjunto para determinar as configurações genotípicas da íris do olho humano. No caso, as cores básicas da íris são condicionadas por três pares de genes: M/m, C/c e A/a. Os genes M, C e A são responsáveis pela adição de pigmento, enquanto os genes m, c e a são responsáveis pela não adição de pigmento.

Assim, os indivíduos indicados pelos números 1 e 4, apresentam cor da íris do olho marrom e genótipos MMCCAA, pois apresentam produção máxima de pigmento. Os indicados pelos números 2 e 3, apresentam cor da íris do olho azul e genótipos mmccaa, apresentam produção mínima de pigmento. Já os indicados pelos números 5 e 6, apresentam cor da íris do olho âmbar e genótipos MmCcAa, resultando em uma mistura de genes aditivos e não aditivos.

As Tabelas 9, 10 e 11 ilustram a distribuição dos fenótipos na geração F<sub>2</sub> resultante do cruzamento do casal indicado pelos números 5 e 6, heterocigotos (MmCcAa x MmCcAa), destacando as proporções previstas. Desse modo, espera-se que os descendentes apresentem distribuição quantitativa da característica, quanto mais alelos dominantes (M, C, A), maior a concentração de pigmentos.

Avaliando as Tabelas 9, 10 e 11 se pode afirmar que, para um descendente ter a cor da íris âmbar ele precisa ter três alelos aditivos. O número de combinações para isso é  $(6,3) = 20$ , mas nem todos os genótipos com 3 genes aditivos são distintos. Genótipos distintos com 3 aditivos são 8. Portanto, conforme a interação entre esses seis genes, localizados em cromossomos homólogos diferentes, teremos 64 possibilidades no quadro de Punnett: 1/64 de

íris marrom; 6/64 de íris castanha; 15/64 de íris avelã; 20/64 de íris âmbar; 15/64 de íris verde; 6/64 de íris cinza; e 1/64 de íris azul.










Nas Tabelas 9, 10 e 11, observe, que todos acontecimentos que vimos são compostos de representações de possibilidades sucessivas independentes e cada representação com um número específico de possibilidades, e o número total de possibilidades das combinações genóticas foi obtido multiplicando-se os números de possibilidades em cada representação de possibilidade. Portanto, é possível observar que a associação dos três pares de genes em um mesmo diagrama consiste na combinação entre os possíveis resultados de cada um deles separadamente.

O princípio multiplicativo, é utilizado para encontrar o número de possibilidades para cada combinação genótica constituída de três pares de genes. Para isso, cada par de genes devem ser sucessivas e independentes.

Na solução do cruzamento  $MmCcAa \times MmCcAa$ , casal 5 x 6 (Figura 1) as letras maiúsculas representam os genes aditivos, enquanto as minúsculas representam os genes não aditivos. Para calcular todas as possibilidades de descendentes que poderão ser geradas, devemos fazer a decomposição do cruzamento. Neste caso, analise separadamente as três possibilidades de cruzamento:  $Mm \times Mm = (1/4 MM, 1/2 Mm, 1/4 mm)$ ;  $Cc \times Cc = (1/4 CC, 1/2 Cc, 1/4 cc)$  e  $Aa \times Aa = (1/4 AA, 1/2 Aa, 1/4 aa)$ . Então do jeito como a solução foi organizada, a contagem de todas estas possibilidades de genótipos deve ser relacionada com uma multiplicação.

A Tabela 9, além de explicitar quais combinações genóticas resultam em quais fenótipos faz uma referência ao número de genes aditivos, ilustrando as probabilidades das classes genóticas formadas em todos os nove caminhos possíveis pela árvore de possibilidades quando a representação da classe genótica começa com o par de genes MM. Portanto, se o primeiro par de genes (MM) do genótipo possui  $1/4$  de possibilidades, o segundo par (CC)  $1/4$  de possibilidades e o terceiro (AA)  $1/4$  de possibilidades, então aplicando o princípio multiplicativo, existem  $1/4 \times 1/4 \times 1/4$  possibilidades da combinação genótica MMCCAA aparecer entre os descendentes nascidos do cruzamento casal 5 x 6 (Figura 1). Ficou evidenciado que existe uma única possibilidade dessa combinação genótica, probabilidades de  $1/64$ .









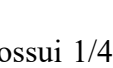
**Tabela 9. Representação das probabilidades em todos os nove caminhos possíveis pela árvore de possibilidades quando a classe genótica começa com o par de genes MM, além de explicitar o fenótipo com o número de genes aditivos.**

Representação de possibilidades	Combinações genóticas	Fenótipo	Aparência	Nº genes aditivos		
(1/4) MM	(1/4) CC	(1/4) AA	(1/64) MMCCAA		Iris marrom	6
		(2/4) Aa	(2/64) MMCCAa		Iris castanha	5
		(1/4) aa	(1/64) MMCCaa		Iris avelã	4
	(2/4) Cc	(1/4) AA	(2/64) MMCCAA		Iris castanha	5
		(2/4) Aa	(4/64) MMCCAa		Iris avelã	4
		(1/4) aa	(2/64) MMCCaa		Iris âmbar	3
	(1/4) cc	(1/4) AA	(1/64) MMccAA		Iris avelã	4
		(2/4) Aa	(2/64) MMccAa		Iris âmbar	3
		(1/4) aa	(1/64) MMccaa		Iris verde	2

Se o primeiro par de genes (Mm) do genótipo possui 2/4 de possibilidades, o segundo par (CC) 1/4 de possibilidades e o terceiro (AA) 1/4 de possibilidades, então existem  $2/4 \times 1/4 \times 1/4$  possibilidades da combinação genotípica MmCCAA aparecer entre os descendentes nascidos do cruzamento entre 5 x 6 (Figura 1), ambos com genótipo heterozigotos para três pares de genes (MmCcAa x MmCcAa), fica evidenciada a facilidade de se usar a combinação de probabilidades, sendo  $1/2 \times 1/4 \times 1/4 = 2/64$ .

A Tabela 10, além de explicitar o fenótipo com o número de genes aditivos, ilustra as probabilidades em todos os nove caminhos possíveis pela árvore de possibilidades quando a representação da classe genotípica começa com o par de genes Mm.










**Tabela 10. Representação das probabilidades em todos os nove caminhos possíveis pela árvore de possibilidades quando a classe genotípica começa com o par de genes Mm, além de explicitar o fenótipo com o número de genes aditivos.**

Representação de possibilidades	Combinções genotípicas	Fenótipo	Aparência	Nº genes aditivos	
(2/4) Mm	(1/4) CC	(1/4) AA → (2/64) MmCCAA		Iris castanha	5
		(2/4) Aa → (4/64) MmCCaA		Iris avelã	4
		(1/4) aa → (2/64) MmCCaa		Iris âmbar	3
	(2/4) Cc	(1/4) AA → (4/64) MmCcAA		Iris avelã	4
		(2/4) Aa → (8/64) MmCcAa		Iris âmbar	3
		(1/4) aa → (4/64) MmCcaa		Iris verde	2
	(1/4) cc	(1/4) AA → (2/64) MmccAA		Iris âmbar	3
		(2/4) Aa → (4/64) MmccAa		Iris verde	2
		(1/4) aa → (2/64) Mmccaa		Iris cinza	1

Se o primeiro par de genes (mm) do genótipo possui 1/4 de possibilidades, o segundo par (CC) 1/4 de possibilidades e o terceiro (AA) 1/4 de possibilidades, então existem  $1/4 \times 1/4 \times 1/4$  possibilidades da combinação genotípica mmCCAA aparecer entre os descendentes nascidos do cruzamento entre 5 x 6 (Figura 1), ambos com genótipo heterozigotos para três pares de genes (MmCcAa x MmCcAa), fica evidenciada a facilidade de se usar a combinação de probabilidades, sendo  $1/4 \times 1/4 \times 1/4 = 1/64$ .

A Tabela 11, além de explicitar o fenótipo com o número de genes aditivos, ilustra as probabilidades em todos os nove caminhos possíveis pela árvore de possibilidades quando a representação da classe genotípica começa com o par de genes mm.

**Tabela 11. Representação das probabilidades em todos os nove caminhos possíveis pela árvore de possibilidades quando a classe genotípica começa com o par de genes mm, além de explicitar o fenótipo com o número de genes aditivos.**

Representação de possibilidades	Combinções genotípicas	Fenótipo	Aparência	Nº genes aditivos	
(1/4) mm	(1/4) CC	(1/4) AA → (1/64) mmCCAA		Iris avelã	4
		(2/4) Aa → (2/64) mmCCAa		Iris âmbar	3
		(1/4) aa → (1/64) mmCCaa		Iris verde	2
	(2/4) Cc	(1/4) AA → (2/64) mmCcAA		Iris âmbar	3
		(2/4) Aa → (4/64) mmCcAa		Iris verde	2
		(1/4) aa → (2/64) mmCcaa		Iris cinza	1
	(1/4) cc	(1/4) AA → (1/64) mmccAA		Iris verde	2
		(2/4) Aa → (2/64) mmccAa		Iris cinza	1
		(1/4) aa → (1/64) mmccaa		Iris azul	0

Os resultados deste estudo indicam que a classificação da cor da íris humana (Figura 1) reflete interações complexas entre múltiplos genes. Esse modo de herança resulta em uma diversidade de fenótipos de cor da íris, variando de íris claras (como a azul) a íris escura (como a marrom). Entre esses dois extremos, existe uma gama de tonalidades intermediárias, incluindo castanho, avelã, âmbar, verde e cinza. Com base nos dados da Tabela 8 e da Figura 1, um total de 27 genótipos diferentes podem produzir essas diversas cores. Esses genótipos incluem: um genótipo correspondente à cor marrom, três genótipos correspondentes à cor castanha, seis genótipos correspondentes à cor avelã, sete genótipos correspondentes à cor âmbar, seis genótipos correspondentes à cor verde, três genótipos correspondentes à cor cinza e um genótipo associado à cor azul. De acordo com Esteves (2001), os problemas relacionados à análise combinatória podem ser compreendidos de maneira mais eficiente utilizando métodos que dispensam o uso de fórmulas prontas. Entre esses métodos estão a árvore de possibilidades, tabelas, diagramas ou enumerações, conforme também apontado por Chevallard (1999).

Segundo Gardner & Snustad (1986); Ringo (2005); Beiguelman (2008); Amabis & Martho (2006; 2010); Linhares & Gewandsznajder (2010); Lewontin et al. (2013); Griffiths et al. (2016), características que exibem variação gradual são chamadas de características quantitativas, e suas diferenças fenotípicas são chamadas de variações quantitativas. Além disso, estudos de Grant e Lauderdale (2002) e Sturm, Frudakis e Frudakis (2004) mostraram que a cor da íris é uma característica hereditária influenciada por múltiplos genes com diferenças sutis entre eles. Essas diferenças surgem de polimorfismos de nucleotídeo único, comumente abreviados como SNPs.

Nesse contexto, frequentemente é bastante complicado identificar ou ilustrar todas as possíveis combinações genotípicas (Tabela 8) ao considerar as interações biológicas e as características da íris do olho humano entre os diversos integrantes de três gerações de uma família hipotética (Figura 1). Assim, para os sete fenótipos distintos relacionados à cor da íris em humanos (Tabelas 4 e 8), foi possível mapear todas as combinações genotípicas viáveis

utilizando um diagrama em árvore (Tabelas 5, 6 e 7), que ajudou na visualização e no cálculo das probabilidades (Tabelas 9, 10 e 11) decorrentes do cruzamento 5 x 6 (Figura 1). Desse modo, pode-se usar um gráfico de possibilidades como um diagrama em árvore convencional, que demonstra as probabilidades de certos eventos, como a análise das chances que envolvem o cálculo das probabilidades de surgir combinações genotípicas e fenotípicas, considerando os nascimentos de descendentes com íris nas cores marrom, castanho, avelã, âmbar, verde, cinza e azul (Tabelas 9, 10 e 11).

As tabelas 5, 6, 7, 9, 10 e 11 apresentam todas as trajetórias possíveis na árvore de possibilidades, baseadas na análise combinatória. Além disso, detalham o espaço amostral relacionado às combinações genotípicas, partindo dos pares de genes MM, Mm e mm, e destacam as classes fenotípicas juntamente com a contagem de genes aditivos. Assim, ao explorar a distribuição das sete categorias fenotípicas: marrom, castanho, avelã, âmbar, verde, cinza ou azul, e compreender como a hereditariedade se expressa por meio da teoria da probabilidade, o aluno expande suas capacidades de pensamento e raciocínio. Isso permite conectar fenômenos aleatórios que favorecem tanto a tomada de decisões quanto a realização de previsões.

O modelo educacional apresentado (Tabelas 1, 2, 3 e Figura 1) demonstrou que a transmissão genética está associada a uma grande diversidade de fenótipos, abrangendo desde íris de tonalidades claras, como o azul, até tonalidades mais escuras, como o marrom. Entre esses extremos, há uma gama de cores intermediárias, incluindo castanho, avelã, âmbar, verde e cinza. De acordo com os dados das Tabelas 3 e 6, bem como da Figura 1, foram identificadas 27 combinações genotípicas distintas que resultam nessas variações de cores. Entre elas, o marrom está associado a apenas um genótipo, o castanho a três, a avelã a seis, o âmbar a sete, o verde a seis, o cinza a três e o azul a um único genótipo. Quanto às frequências possíveis observadas, os resultados indicam: 1/64 para íris marrom; 6/64 para íris castanha; 15/64 para íris avelã; 20/64 para íris âmbar; 15/64 para íris verde; 6/64 para íris cinza; e 1/64 para íris azul.

De acordo com Paraná (2018) e com os estudos de Medeiros, Alves e Kimura (2022, 2023, 2024, 2025), um ensino eficaz com foco na genética demanda que os professores tenham à disposição recursos didáticos que auxiliem a conexão entre teoria e prática. A ausência desses recursos pode ocasionar a formação de conceitos equivocados e dificultar a compreensão do conteúdo. Para que sejam eficazes, é essencial que os professores confiem nesses materiais, entendam sua funcionalidade e desenvolvam habilidades para utilizá-los de forma apropriada. O momento ideal para aplicá-los depende de uma abordagem pedagógica bem planejada, que permita explorar ao máximo os efeitos das competências no uso desses recursos. Além disso, é fundamental que os educadores estejam receptivos à experimentação e à inovação em suas práticas didáticas, buscando continuamente maneiras de envolver os estudantes e fomentar o aprendizado com metodologias criativas.

Zompero; Laburú, Vilaça (2019) destaca que as atividades investigativas, além de contribuir para a aprendizagem de conceitos, promovem o desenvolvimento de habilidades cognitivas relacionadas à investigação científica. Entre essas habilidades estão: observar, registrar, analisar dados, comparar, identificar evidências, realizar inferências e elaborar conclusões. A coleta de dados realizada por meio das Tabelas 9, 10 e 11 possibilitou aos estudantes adquirir competências essenciais, refletindo em uma melhora significativa no aprendizado do conteúdo. Conforme Lima (2012), assim como Medeiros, Alves e Kimura (2022, 2023, 2024, 2025), abordar o ensino de Genética a partir de informações reais, utilizando casos investigativos ou situações do cotidiano, torna o aprendizado mais atrativo e próximo da realidade dos alunos. Esse tipo de abordagem facilita a compreensão e estimula os estudantes a se tornarem cidadãos críticos e capazes de argumentar e se posicionar sobre temas atuais. De fato, os estudantes demonstraram grande interesse pelo tema, utilizando a herança genética relacionada à cor da íris dos olhos humanos como objeto de investigação.

Através de diversos métodos educacionais, é viável atingir um alto nível de entendimento entre os estudantes, destacando a eficiência das atividades investigativas como uma abordagem de aprendizado. Contudo, ao implementar modelos representativos em aulas de genética que se concentram na herança poligênica, é fundamental levar em conta a interligação entre várias disciplinas. Essa relação entre diferentes áreas do saber amplia a percepção, permitindo um aprendizado mais profundo, enriquecendo o assunto tratado e tornando mais fácil a compreensão do conteúdo pelos alunos. De acordo com a pesquisa de Castoldi & Polinarski (2009), Zuanon, Diniz e Nascimento (2010), Mendonça & Santos (2011), Medeiros & Rodrigues (2012), Duso (2012), Duso et al. (2013), Klauberg (2015), Amaral, Mendes e Porto (2018) e Medeiros et al. (2021, 2022), assim como Medeiros, Alves e Kimura (2022, 2023, 2024, 2025), a implementação de modelos pedagógicos representativos tem sido amplamente valorizada, enfatizando sua importância na aprimoração do processo de ensino.

Com base no modelo de ensino apresentado (Tabelas 1, 2, 3 e Figura 1) e nas informações contidas nas Tabelas 5, 6, 7, 9, 10 e 11, foi possível alcançar um entendimento adequado entre os estudantes, demonstrando a eficácia das atividades de investigação como uma ferramenta educacional. Nesse contexto, vale ressaltar que o conhecimento foi expandido através da avaliação dos dados obtidos pelos alunos, que se dedicaram a interpretar essas informações para realizar cálculos numéricos referentes às frequências fenotípicas e genotípicas.

No Brasil, o ensino de biologia é guiado pelo Guia Curricular Nacional da Educação Básica, que estabelece as metas, competências e habilidades que os estudantes devem desenvolver ao longo do ensino fundamental e médio. O objetivo principal é estimular a curiosidade científica, promover a observação e a pesquisa, além de facilitar a compreensão dos processos biológicos que ocorrem na natureza (SCHNETZLER, 2017).

## CONCLUSÃO

Após examinar os resultados da utilização do modelo educacional sobre herança poligênica, ficou evidente que ele ajuda a compreender as diferenças nas características físicas ligadas aos genes que influenciam as diversas cores da íris do olho humano.

Foram identificadas 27 combinações genotípicas distintas que resultam nessas variações de cores. Entre elas, o marrom está associado a apenas um genótipo, o castanho a três, a avelã a seis, o âmbar a sete, o verde a seis, o cinza a três e o azul a um único genótipo.

Os genes M, C e A condicionam diferentes tons de cor na íris. E a cor marrom representada pelo genótipo MMCCAA, possui a maior quantidade de melanina. Isso significa que quanto mais genes dominantes (aditivos) existirem, mais escura será a cor marrom. E quando a quantidade de genes dominantes diminui, a intensidade do marrom também diminui.

A criação da árvore de possibilidades sugerida no modelo foi fundamental para que os alunos entendessem a estrutura e pudessem interpretar adequadamente o diagrama apresentado. Também foi notado que, espontaneamente, os alunos do curso de licenciatura mostraram grande interesse e disposição ao investigar os recursos disponíveis na sequência didática, discutindo com entusiasmo os resultados das análises que realizaram. Com um olhar crítico, levantaram questões relevantes sobre o assunto abordado e as estimativas de probabilidade, alinhando-se à meta de incentivar a busca por conhecimentos de diferentes áreas. O aprendizado foi aprimorado pelo uso de informações coletadas pelos próprios alunos, que aprenderam a interpretar esses dados e a calcular numericamente as probabilidades fenotípicas e genotípicas.

O emprego de tabelas para ilustrar as possíveis ramificações da árvore de possibilidades, juntamente com representações visuais das tonalidades da íris, cujas características eram facilmente reconhecidas pelos alunos, contribuiu muito para a compreensão do espaço amostral

das combinações genóticas, destacando os diversos resultados relacionados ao grau de parentesco entre famílias. Ademais, a participação ativa dos estudantes na elaboração do modelo de ensino tornou as aulas mais interativas e criou um ambiente favorável ao processo de aprendizado.

Com base nessas observações, reiteramos que a utilização do modelo de ensino, ao representar todas as trajetórias da árvore de possibilidades para determinar as chances de obtenção de genótipos e fenótipos, é uma abordagem eficaz na educação em genética quantitativa. Ao analisar as projeções para descendentes com diferentes tons de íris, como marrom, castanho, avelã, âmbar, verde, cinza e azul, o modelo demonstrou ser extremamente eficaz em facilitar a compreensão dos conteúdos pelos alunos.

Nesse contexto, destacamos a relevância de desenvolver outras sequências didáticas que sejam fáceis de criar e aplicar, com o objetivo de ajudar os professores em suas práticas pedagógicas cotidianas.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AMABIS, José Mariano; MARTHO, Gilberto Rodrigues. Fundamentos da Biologia Moderna - Volume Único. 4ª ed. São Paulo. Editora Moderna. 839 p. 2006.
- AMABIS, J. M. & MARTHO, G. R. Biologia das populações. (3ª ed., Vol.3) São Paulo: Moderna. (2010).
- AMARAL, A. M. DO; MENDES, A. N. F. & PORTO, P. S. S. Jogo roletando como metodologia alternativa no ensino de química. *Experiências no Ensino de Ciências*, v. 13, nº 1, p. 225-240. (2018).
- BEIGUELMAN, B. A Interpretação Genética da Variabilidade Humana. Ribeirão Preto, SP: Editora SBG (Sociedade Brasileira de Genética), 152 p. (2008).
- CASTOLDI, R. & POLINARSKI, C. A. A utilização de recursos didático-pedagógicos na motivação da aprendizagem. I Simpósio Nacional de Ensino de Ciências e Tecnologia, Anais...Paraná: UTFPR, p. 684-692. (2009).
- CHEVALLARD, Y. Analyse des pratiques enseignantes et didactique des mathématiques: l'approche anthropologique. *Recherches em Didactique des Mathématiques*. Vol.19, no.2, pp.221-26. (1999).
- COLOMBARI, M. R. B., & MELO, S. R. Como trabalhar temas de ciências de forma dinâmica e construtivista: uma experiência. *Revista ARQUIVOS DO MUDI*, Maringá, 10(3), 23-28. (2006).
- CASTELÃO, T. B., & AMABIS, J. M. Motivação e ensino de genética: um enfoque atribucional sobre a escolha da área, prática docente e aprendizagem. In: 54º Congresso Brasileiro de Genética - BA, Salvador. Anais... Salvador, p. 5. (2008).
- DELLA, L. A. J.; FERLA, M. R. A utilização de modelos didáticos no ensino de genética-exemplo de representação de compactação do DNA eucarioto. *Arquivos do Museu Dinâmico Interdisciplinar*, v. 10, n. 2, p. 35-40, (2013).
- DUSO, L. O uso de modelos no ensino de biologia. Encontro Nacional de Didática e Práticas de Ensino, v. 16, p. 432-441, 2012. UNICAMP – Campinas, (2012).
- DUSO, L.; CLEMENT, L.; PEREIRA, P. B.; FILHO, J. P. A. Modelização: Uma Possibilidade no Ensino de Biologia. *Ensaio Pesquisa em Educação em Ciências*, 15(2), 29-44. (2013).
- ESTEVES, I. Investigando os fatores que influenciam o raciocínio combinatório em adolescentes de 14 anos – 8ª série do ensino fundamental. Dissertação (Mestrado em Educação Matemática) – Centro de Ciências Exatas e Tecnologia, PUC-SP, São Paulo, (2001).
- FERREIRA, P. M. P., MOURA, M. R., COSTA, N. D. J., SILVA, J. N., PERON, A. P., ABREU, M. C., & PACHECO, A. C. L. Avaliação da importância de modelos no ensino de biologia através da aplicação de um modelo demonstrativo da junção intercelular desmossomo. *Rev. Brasileira de Biociências*, 11(4), 388 - 394. (2013).

- FREIRE-MAIA, N. Gregor Mendel: vida e obra. São Paulo: T. A. Queiroz, (1995).
- GARDNER, E. J.; SNUSTAD, D. P. Genética. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, (1986).
- KLAUBERG, S. D. W. O Lúdico no Ensino da biologia uso de um modelo didático para ensino da divisão celular mitótica. 2015. 21 f. Monografia (Especialização em Genética para Professores do Ensino Médio) - Universidade Federal do Paraná, Nova Londrina, (2015).
- GRANT, M. D.; LAUDERDALE, D. S. Cohort effects in a genetically determined trait: eye colour among US whites». *Ann. Hum. Biol.* (em inglês). 29 (6): 657–66. (2002).
- GRIFFITHS, A. J. F., WESSLER, S. R., LEWONTIN, R. C., GELBART, W. M., SUZUKI, D. T., & MILLER, J. H. *Introduction to genetic analysis.* (8th ed.). New York, NY: W.H Feeman. (2005).
- GRIFFITHS, A. J. F., WESSLER, S. R., LEWONTIN, R. C., & CARROLL, S. B. *Introdução à genética.* Rio de Janeiro, RJ: Guanabara Koogan. (2013).
- GRIFFITHS, A. J. F.; WESSLER, S. R.; LEWONTIN, R. C.; CARROLL, S. B. *Introdução à Genética.* 11ª ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, (2016).
- HERMANN, F. B.; ARAUJO, M. C. P. Os jogos didáticos no ensino de genética como estratégias partilhadas nos artigos da revista genética na escola. In: ENCONTRO REGIONAL SUL DE ENSINO DE BIOLOGIA, 6., 2013, Santo Ângelo. Anais eletrônicos... Santo Ângelo: EREBIO-SUL, (2013).
- JÚNIOR, C. DA S.; SASSON, S.; JÚNIOR, N. C. *Biologia 3.* 10ª Ed. São Paulo. Editora Saraiva. (2013).
- JUSTINA, L. A. D.; RIPPEL, J. L. Ensino de genética: representações da ciência da hereditariedade no nível médio. IV Encontro Nacional de Pesquisa em Educação em Ciências. ABRAPEC. Bauru - São Paulo. (2003).
- JUSTINA, L. A. D.; FERLA, M. R. A utilização de modelos didáticos no Ensino de Genética: exemplo de representação de compactação do DNA eucarioto. *Arquivos 83 do Museu Dinâmico Interdisciplinar, Maringá*, v.10, n.2, p.35-40, (2006).
- KLAUBERG, S. D. W. O Lúdico no Ensino da biologia uso de um modelo didático para ensino da divisão celular mitótica. 2015. 21 f. Monografia (Especialização em Genética para Professores do Ensino Médio) - Universidade Federal do Paraná, Nova Londrina, (2015).
- LEWONTIN, R. C.; CARROLL, S. B.; GRIFFITHS, A. J. F.; WESSLER, S. R. *Introdução à genética.* 10. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2013. 736 p.
- LIMA, D. B. O ensino investigativo e suas contribuições para a aprendizagem de Genética no ensino médio. Trabalho de conclusão do curso graduação de Ciências Biológicas. Universidade Federal do Rio Grande do Sul. Instituto de Biociências. 48p. Porto Alegre. (2012).
- LIMA, G. J. N. P. et al. Aplicação de jogos didáticos no ensino de genética. In: FORUM INTERNACIONAL DE PEDAGOGIA. 4, Parnaíba, PI. (2012).

LINHARES, S.; GEWANDSZNAFDER, F. *Biologia hoje*. 2.ed. v. 3. São Paulo: Ática, 2010.

LOPES, S.; ROSSO, S. *Biologia*. 3. ed. v. 2. São Paulo: Saraiva, (2010).

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

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

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

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

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

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

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

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T. Aplicação de modelo didático para identificação genética do sexo em tucanos com a utilização de enzima de restrição na análise de sequenciamento de DNA. *Revista Biodiversidade* - v.22, n.2, pág. 80 – 94. (2023).

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T. Utilização prática de um modelo didático simulando aplicações do sequenciamento de DNA e sua importância no reconhecimento das relações de parentesco entre bebês recém-nascidos e parturientes. *Revista Biodiversidade* - v.22, n.4, pág. 65 – 86. (2023).

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T. Aplicação de modelo didático simulando uma análise de DNA para Investigação da ocorrência da anemia falciforme em um grupo familiar. Revista Biodiversidade - v.23, n.1, pág. 63 – 86. (2024).

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T. Imagens de autorradiografias dos géis de agarose simulando diagnósticos clínico-moleculares que podem ser aplicados em forma de um modelo didático para contextualizar a influência genética nos fenótipos da visão. Revista Biodiversidade - v.23, n.2, - pág. 138 – 157. (2024).

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T. Aplicação de uma representação gráfica simulando um heredograma com recorrência da alopecia genética para entendimento da herança autossômica influenciada pelo sexo. Revista Biodiversidade - v.23, n.3, pág. 119 – 145. (2024).

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T. Utilização prática de um modelo didático para estudo de polimorfismos da cor da pelagem de uma população de cães domésticos considerando dois loci. Revista Biodiversidade - v.23, n.4, pág. 168 – 194. (2024).

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T. Aplicação de um modelo didático que reproduz a análise do DNA para avaliar a variação genética responsável pelas cores das plumas na população de pombos (*Columba livia*). Revista Biodiversidade - v.24, n.1, pág. 197 – 219. (2025).

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T. Utilização de heredogramas que utilizam regiões polimórficas do DNA para identificar o sexo e a classe genotípica da cor da plumagem entre pombos (*Columba livia*). Revista Biodiversidade - v.24, n.2, pág. 186 – 214. (2025).

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T. Modelo didático que simula imagens de autorradiografias dos géis de agarose para caracterização genética dos alelos responsáveis pelo padrão de plumagem nas asas em pombos (*Columba livia*). Revista Biodiversidade - v.24, n.3, pág. 122 – 152. (2025).

MEDEIROS, M. O.; ALVES, S. M.; KIMURA, M. T. Aplicação do binômio de newton para o ensino de genética quantitativa, utilizando um modelo didático que considera a representação de cores da íris dos olhos na espécie humana. Revista Biodiversidade - v.24, n.3, pág. 274 – 297. (2025).

MENDONÇA, C. O.; SANTOS, M. W. O. Modelos didáticos para o ensino de Ciências e Biologia: aparelho reprodutor feminino da fecundação à nidação. Anais do V Colóquio Internacional "Educação e Contemporaneidade", v. 5, p. 1-11, (2011).

PARANÁ. SECRETARIA DE ESTADO DA EDUCAÇÃO DO PARANÁ. Diretrizes Curriculares da Educação Básica: Biologia. Curitiba: Imprensa Oficial, (2018).

PIERCE, B. A. Genética: um enfoque conceitual / Benjamin A. Pierce; tradução Beatriz Araujo do Rosário. - 5. ed. - Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, (2016).

QUERUDINO, A. L. V. G.; MITTMANN, J. Uma proposta lúdica para o ensino de genética e biologia molecular no ensino médio. Anais eletrônicos... Disponível em: <[http://www.inicep.g.univap.br/cd/INIC\\_2011/anais/arquivos/RE\\_0250\\_0514\\_01.pdf](http://www.inicep.g.univap.br/cd/INIC_2011/anais/arquivos/RE_0250_0514_01.pdf)>.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; PINTO, C.A.B.P. *Genética na agropecuária*. Editora Globo: São Paulo. 3.ed. p.199-229. (1994).

RINGO, J. *Genética básica*. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, (2005).

SCHNETZLER, R. P.; ARAGÃO, J.; ROSÁLIA M. R. (orgs) *Ensino de Ciências: fundamentos e abordagens*. Campinas: R. Vieira Gráfica e Editora, (2017).

STURM, R. A.; FRUDAKIS, T. N. Eye colour: portals into pigmentation genes and ancestry (PDF). *Trends Genet.* **20** (8): 327–32. (2004).

SILVA JÚNIOR, G. B. da. *Biologia e Matemática: Diálogos possíveis no Ensino Médio*. 155 f. Dissertação (Mestrado em Ensino de Ciências e Matemática) - Pontifícia Universidade Católica de Minas Gerais, Belo Horizonte. (2008).

VALADARES, B. L. B.; PEREIRA, A. O.; ALMEIDA, C. S. *Morfologia cromossômica e alterações estruturais: um modelo didático*. *Genética na Escola, Ribeirão Preto: SBG*, v.9, n.1, p. 20-29, (2014). Disponível em: <<http://geneticanaescola.com.br/wp-home/wp->

VENTURIERI, G. A.; ROSA, V. L. **Genética clássica**. Universidade Federal de Santa Catarina – Florianópolis. *BIOLOGIA/EAD/UFSC*, 116p. (2010).

ZOMPERO, A. de F.; LABURÚ, C. E.; VILAÇA, T. V. *Instrumento analítico para avaliar habilidades cognitivas dos estudantes da educação básica nas atividades de investigação*. *IENCI Investigações em Ensino de Ciências*. V24 (2). pp. 200 – 211. Ago. (2019).

ZOMPERO, A. F.; LABURÚ, C. E. *Atividades investigativas no ensino de ciências. Aspectos históricos e diferentes abordagens*. *Revista Ensaio*, 13 (03), 67-80. (2011).

ZUANON, Á. C. A.; DINIZ, R. H. S. & NASCIMENTO, L. H. *Construção de jogos didáticos para o ensino de Biologia: um recurso para integração dos alunos à prática docente*. *Revista Brasileira de Ensino de Ciência e Tecnologia*, v. 3, n. 3, p. 49-59. (2010).