



TÍTULO DO PROGRAMA

Homem Vitruviano e DNA

Série: **A Beleza dos Diagramas**

SINOPSE DO PROGRAMA

O documentário conta a história de dois diagramas que conseguiram a difícil tarefa de representar os seres humanos e a vida. Tanto o Homem Vitruviano quando a dupla hélice do DNA mudaram a forma como vemos e entendemos a humanidade e a criação da vida. São imagens simples, sem muitos elementos, que foram além dos seus objetivos estéticos e científicos e ficaram famosos, tornando-se ícones culturais e até mesmo objetos de consumo de massa. No programa Sala de Professor, convidados das disciplinas de Matemática e Biologia apresentam um projeto que aprofunda os conhecimentos sobre o DNA.

CONSULTORES

Luciana V. Nogueira – Biologia

Walter Spinelli – Matemática

TÍTULO DO PROJETO

TRADUÇÃO GÊNICA E PROBABILIDADES

❖ APRESENTAÇÃO

O documentário discute a importância de dois diagramas bastante conhecidos: o homem vitruviano, de Leonardo da Vinci e o modelo tridimensional da estrutura em dupla hélice do DNA. As proporções formadas por medidas das partes do corpo do homem estão presentes em diversas obras de arquitetura, clássicas ou contemporâneas, constituindo-se, assim, em um conjunto de padrões matemáticos macroscópicos. Por outro lado, no universo microscópico, as bases moleculares da vida, os mecanismos pelos quais são possíveis a manutenção das espécies e suas possibilidades de mudança têm sua explicação



última na estrutura do DNA e sua forma de replicação. Essa molécula será o tema das aulas de Biologia desenvolvidas nesta proposta, em que a Matemática entra como uma ferramenta de análise das probabilidades do código genético.

O trabalho em sala de aula e o Enem

Nesta proposta, trabalhamos com alguns dos conteúdos disciplinares (objetos do conhecimento) listados na Matriz de Referência para o Enem 2013 e com o desenvolvimento das seguintes competências e habilidades:

Matemática

Conteúdo: Análise combinatória e Probabilidades

Competência e habilidade: Área de Matemática e suas Tecnologias

Competência de área 6: H28, H29.

Biologia

Conteúdo: Biologia Molecular

Competência e habilidade: Área de Ciências da Natureza e suas Tecnologias

Competência de área 4: H14, H14, H15, H16.

Competência de área 5: H17.

Para obter a Matriz de Referência para o Enem, acesse o Anexo II do edital:

http://download.inep.gov.br/educacao_basica/enem/edital/2013/edital-enem-2013.pdf.

Acesso em: 20 jul. 2014.

❖ UM OLHAR PARA O DOCUMENTÁRIO A PARTIR DA BIOLOGIA

A segunda parte do documentário “Homem Vitruviano e DNA” da série “A Beleza dos Diagramas” toca em um ponto fundamental da Biologia ao salientar a



importância da estrutura para a compreensão do funcionamento da molécula que tem sido considerada “a molécula da vida”.

É bastante conhecido o fato de que a molécula de DNA popularizou-se desde sua formulação por Watson e Crick, em 1953. A mídia tem utilizado de forma indiscriminada aquilo que se compreende como o papel do DNA na manutenção e controle das características dos seres vivos. Há desde produtos cosméticos supostamente baseados nas biotecnologias advindas da Biologia Molecular até novelas de televisão que exploram a questão dos genes e da hereditariedade. Isso sem falar nos inúmeros seriados televisivos criados com base nas investigações forenses e nos filmes de ficção científica.

No entanto, sabemos que a popularização não garante a compreensão efetiva da estrutura, nem da função e muito menos dos mecanismos de funcionamento da molécula de DNA. Ao contrário, observa-se que em relação às questões de hereditariedade há uma série de representações e fantasias geradas pela desinformação e pelo apelo midiático inerente a esse tema.

Dessa forma, parece-nos realmente essencial esclarecer os pontos acima mencionados a fim de que, verdadeiramente informadas, as pessoas possam se posicionar diante das questões éticas, sociais e econômicas que envolvem a manipulação do material genético.

A seguinte proposta tem a preocupação de dar os subsídios necessários para a melhor compreensão possível da estrutura do DNA, seus mecanismos de replicação, transcrição e tradução das informações genéticas. No entanto, parece-nos fundamental antes de entrar diretamente nos mecanismos de transcrição e tradução, trazer um pouco da história de como a molécula de DNA tornou-se a molécula da hereditariedade. Essa discussão preliminar tem como principal motivador fazer com que os alunos reflitam acerca da maneira pela qual se produz conhecimento científico, levando-os a perceber que a ciência é um constructo humano com repercussões sociais, éticas e econômicas.



A proposta também foi elaborada tendo em vista a interdisciplinaridade com a Matemática que traz elementos essenciais para o entendimento da problemática levantada. Mas claramente percebe-se a potencialidade do tema para o estabelecimento de parcerias com as disciplinas de Filosofia e Sociologia.

O documentário nos apresenta um breve histórico acerca da proposição da estrutura tridimensional da molécula de DNA. Partindo desse ponto, sugerimos que o professor recupere esse histórico de uma maneira mais aprofundada, partindo da caracterização do material nuclear por Friedrich Miescher (1844-1895) em 1869. Este bioquímico alemão isolou material do núcleo celular dos glóbulos brancos coletados em bandagens usadas em ferimentos ricos em pus. Seu objetivo era determinar os componentes químicos desse material nuclear. Miescher percebeu que a substância predominante nos núcleos celulares tinha um caráter ácido e era rico em fósforo e nitrogênio. É importante salientar que nenhuma relação com a hereditariedade foi estabelecida naquele momento. O composto foi chamado de nucleína por causa de sua localização.

Em 1880, o pesquisador alemão Albrecht Kossel (1883-1927) demonstrou que a nucleína continha bases nitrogenadas, mas somente em 1889, um aluno de Miescher, Richard Altmann (1852-1900), trabalhando com amostras altamente purificadas, comprovou o caráter ácido da substância dando-lhe, então, o nome de ácido nucleico. O interesse por essa substância foi crescendo, sobretudo porque, em 1900, Hugo Marie de Vries (1848-1935) e Carl Correns (1864-1933) se interessaram pelos trabalhos de Gregor Mendel (1822-1884) publicados em 1865. Na época de sua publicação, os trabalhos de Mendel com as ervilhas não foram considerados relevantes pela comunidade científica, o que mostra que a produção científica está fortemente sujeita ao contexto histórico-científico da época em que ocorre. Com de Vries e Correns, interessados nos mecanismos da hereditariedade, a pesquisa mendeliana começou a ganhar projeção. Mas foi com William Bateson (1861-1926) que efetivamente os estudos sobre a



hereditariedade, nos moldes mendelianos, começaram a se estabelecer como um campo de interesse científico, instituindo-se a Genética.

Dada a criação do campo da Genética teve início uma verdadeira corrida a fim de se identificar qual ou quais as moléculas responsáveis pela hereditariedade. O material nucleico (posteriormente chamado de DNA) ainda não desfrutava de atenção por parte dos cientistas. A aposta era de que as proteínas deveriam ser as moléculas da hereditariedade.

Foi apenas em 1928 que o microbiologista britânico Frederick Griffith (1879-1941), trabalhando com duas linhagens de *Streptococcus pneumoniae*, uma patogênica e outra não, percebeu que uma linhagem poderia se “transformar” na outra. Isto é, ele demonstrou experimentalmente que linhagens não patogênicas, quando misturadas a linhagens patogênicas mortas, poderiam tornar-se causadoras de pneumonia. A esse fenômeno ele deu o nome de **transformação bacteriana**. Esse experimento não alçou o DNA à categoria de molécula da hereditariedade, mas o inusitado da descoberta fez com que esforços fossem voltados na compreensão da transformação bacteriana.

Foi o grupo de pesquisa liderado por Oswald Avery (1877-1955), um pesquisador estadunidense, que buscou identificar a substância ou princípio transformante. Após 10 anos de pesquisa trabalhando com extratos purificados das linhagens das bactérias da pneumonia, em 1944 chegou-se à conclusão de que o material nucleico, o DNA, era a molécula responsável pelo fenômeno da transformação bacteriana.

Apesar das evidências apontadas por Avery e seu grupo, os resultados não foram prontamente aceitos pela comunidade científica de forma cabal. Boa parte dos cientistas da época estava convencida de que as proteínas deveriam as moléculas responsáveis. Aqui também se pode perceber mais um aspecto ligado à natureza da ciência: crenças pessoais influenciam fortemente não apenas a aceitação de certos resultados, mas também a sua interpretação. De toda forma, o problema estava posto. Em 1952, Alfred Hershey (1908-1997) e Martha Chase



(1927-2003), trabalhando com o bacteriófago T2, um vírus que infecta bactérias, fizeram um experimento que trouxe a segunda evidência de que, de fato, o DNA era a molécula envolvida nos processos de hereditariedade. O experimento de Hershey e Chase trabalhou com compostos radioativos. Isso parece uma boa oportunidade para a discussão do fenômeno da radioatividade com a disciplina de Química.

A comunidade científica finalmente viu-se obrigada a aceitar o DNA como a molécula da hereditariedade. Assim, as pesquisas antes voltadas para a compreensão das proteínas cedeu espaço para os estudos com o DNA.

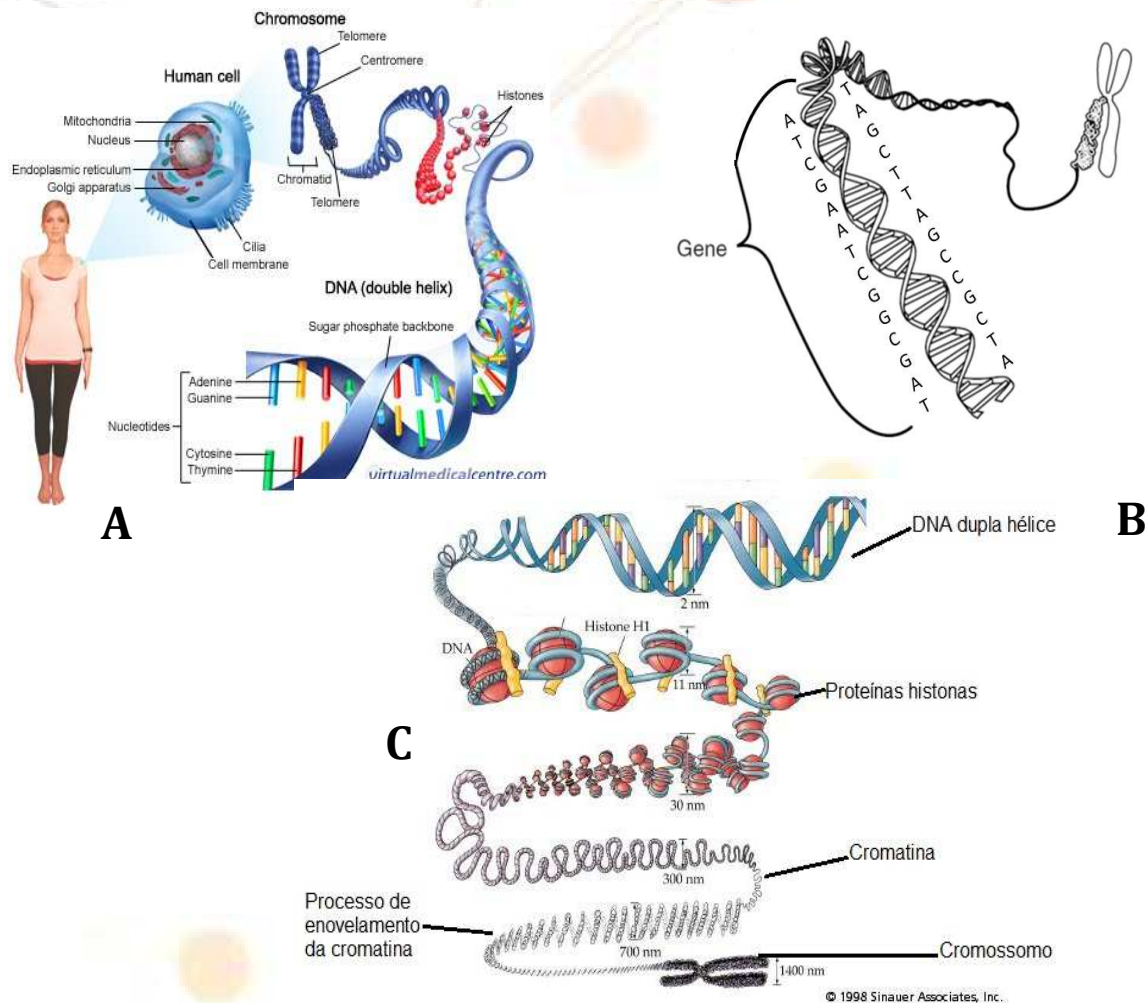
No período de 1949-1952, Erwin Chargaff (1905-2002) fez importantes contribuições para que um modelo pudesse ser proposto. Seus trabalhos indicaram que as bases nitrogenadas do DNA, adenina (A), guanina (G), citosina (C) e timina (T) sempre eram encontradas em proporções complementares, isto é, A e T apareciam nas mesmas quantidades, e C e G, também. Isso levou à hipótese de que A só seria capaz de se ligar com T, o mesmo ocorrendo em relação a C e G. Assim, a regra de Chargaff anuncia que a composição das bases do DNA é espécie específica, ou seja, as quantidades de bases nitrogenadas variam entre as espécies, mas é constante para cada espécie, pois $A=T$ e $C=G$ em termos de composição relativa.

Finalmente chegamos à proposição da estrutura tridimensional da molécula de DNA feita em 1953 por James Watson (1928-) e Francis Crick (1916-2004). Trabalhando em colaboração com Maurice Wilkins (1916-2004) e utilizando-se das fotografias de obtidas por difração de raios-X feitas por Rosalind Franklin (1920-1958), foi possível propor o modelo que utilizamos até hoje.

A partir desse histórico é possível passar a trabalhar com os mecanismos de transcrição e tradução gênicas. No entanto, dado o nível de abstração, percebe-se na prática docente que há muita confusão por parte dos alunos em relação aos conceitos de DNA, cromossomo e genes e o lugar em que esses compostos aparecem nas células. Sendo assim, acreditamos ser importante uma

SALA DE PROFESSOR

retomada inicial a fim de sedimentar os conceitos e permitir aos alunos o acompanhamento de um assunto tão importante, mas de tão difícil visualização mental. A figura abaixo pode servir como um guia auxiliar.



Na parte **A** temos as relações entre genes, cromossomos, DNA, núcleo, célula eucariótica e ser humano. Em **B**, um detalhe do cromossomo com a apresentação de um gene e a explicitação da dupla hélice. Em **C** podemos ter uma ideia do tamanho relativo entre esses componentes.

Tomemos uma célula eucariótica qualquer, por exemplo, uma célula da pele humana. Foquemos no núcleo. O que encontramos nele na **intérfase**, momento em que a célula está em pleno funcionamento e não está se dividindo? Encontramos 46 moléculas distinguíveis de DNA a que se dá o nome de



cromatina. Trata-se do DNA na sua forma desenovelada a fim de que a transcrição para RNAs seja facilitada. Quando a célula entrar em processo de divisão celular, seja mitose ou meiose, cada cromatina irá se duplicar e se enovelar dando origem a 46 **cromossomos** (na espécie humana!).

Então, o que é o cromossomo? É a cromatina duplicada e condensada graças à duplicação do DNA. Mas, onde está a dupla hélice? É importante frisar que estamos sempre falando de DNA, logo, sempre do modelo da dupla hélice. O que temos é apenas uma mudança na forma em que esse DNA está organizado. O *link* abaixo traz uma animação do processo de duplicação do DNA e a formação de cromossomos.

- <http://www.youtube.com/watch?v=nTnkazQ_keE>. Acesso em: 20 jul. 2014.

Mas, então, o que é o gene? O DNA humano, em particular, possui 3,2 bilhões de pares de bases. No entanto, apenas 2% desse material contém informações genéticas. Essas informações estão espalhadas pelo DNA humano em trechos chamados de genes. Os **genes** são, portanto, esses 2% de DNA que têm informações para a produção de diferentes RNAs. Os RNAs são cópias complementares, em fita simples, do DNA dos genes. Vale ressaltar para os alunos que se trata de uma cópia complementar sem nenhuma espécie de transformação química envolvida no processo. As pontes de hidrogênio são momentaneamente rompidas pela enzima **helicase** no início do segmento que corresponde a um gene (sempre iniciado pela sequência TAC do DNA) e as **polimerases de RNA** vão produzindo uma cópia complementar à fita que serve de molde do DNA. É importante chamar a atenção dos alunos que o RNA é uma fita simples e que ele não possui a base nitrogenada timina. No lugar desta, a polimerase coloca uma **uracila** (U). Assim, por exemplo, se temos um gene com a seguinte sequência: TACCAAGGGATT, a polimerase copiará um RNA com a sequência AUG GGU UCC UAA. A primeira trinca é a de inicialização, isto é, a enzima reconhece essa sequência como sendo o início do gene, e a última, ATT



– UAA, é a de finalização, isto é, a enzima reconhece que o gene acabou. Esse é o processo conhecido como **transcrição gênica**. Finalizada a transcrição, as pontes de hidrogênio são refeitas e o DNA volta a sua conformação inicial.

Os RNAs produzidos são de três tipos: RNA mensageiro (**RNA_m**), RNA ribossômico (**RNA_r**) e RNA transportador (**RNA_t**). Esses três tipos de RNAs estão envolvidos no processo de **tradução gênica**. O processo de transcrição também pode ser acompanhado em animações disponíveis na internet, pelo *link*:

- <<http://www.youtube.com/watch?v=fynGKohVYHw>>. Acesso em: 20 jul. 2014.

Os RNAs transcritos saíram do núcleo em direção ao retículo endoplasmático rugoso (REG), local em que a tradução ocorrerá. A tradução gênica é um processo bastante complexo que envolve os três tipos de RNAs, cada qual exercendo um papel fundamental para a síntese de proteínas. É bastante importante destacar aqui, novamente, que não há transformação química, mas um processo de decodificação do RNA_m (mensageiro). Assim, o RNA_m é aquele que carrega o código para a síntese de proteínas. Esse código está baseado em códons, isto é, trincas de bases nitrogenadas. Cada trinca é um código para certo aminoácido. Contamos com 64 trincas diferentes que codificam para os 20 aminoácidos presentes em seres vivos. Dentre essas trincas há algumas que não codificam para aminoácidos, mas que indicam o início e a finalização do processo de tradução.

A tabela com os 64 códons e seus respectivos aminoácidos será a base para o trabalho interdisciplinar com a Matemática. É importante explicitar para os alunos que um mesmo aminoácido pode ser codificado por mais de um códon, mas um códon só codifica para um dado aminoácido. Por isso se diz que o código genético é redundante. Essa é uma das características do material genético que será explorada nas atividades interdisciplinares.

O processo de tradução é bastante complexo e envolve os três tipos de RNAs trabalhando em sinergia. Assim, o RNA_m, uma fita simples que é cópia do

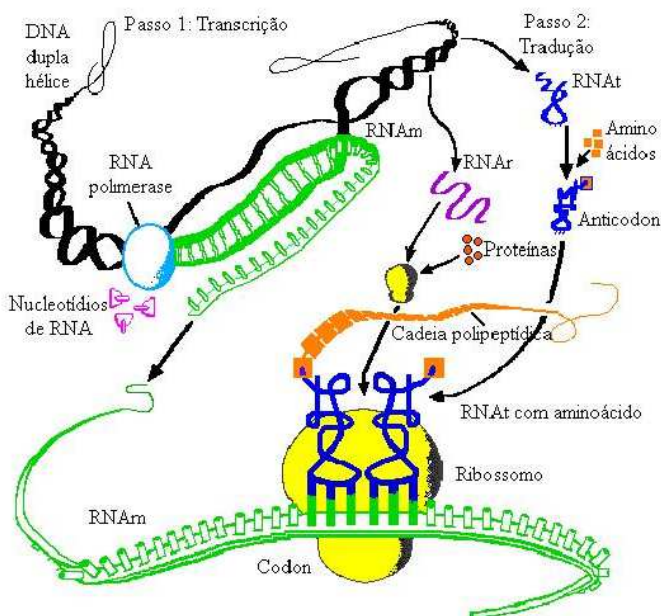


DNA, possui os códons na ordem correta para a anexação dos aminoácidos correspondentes. O RNAr, graças à sua estrutura espacial, se liga ao RNAm no códon de iniciação AUG, aqui será inserido o aminoácido metionina trazido pelo RNAt. Os RNAs transportadores possuem uma região chamada de anticódon e outra que o sítio de ligação para o aminoácido correspondente. Veja na figura abaixo, à esquerda, a ilustração dos processos de transcrição e tradução gênica e a formação, estrutura e função dos três tipos de RNAs.

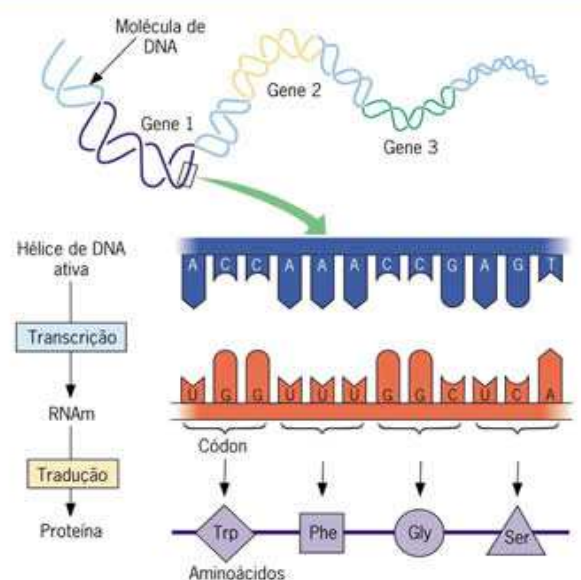
É o anticódon do RNAt que se liga ao códon complementar do RNAm. Assim que essa ligação ocorre, entra em cena o RNAr que captará o aminoácido trazido pelo RNAt iniciando a síntese da proteína. O *link* abaixo traz uma animação que pode ajudar na visualização do processo pelos alunos.

- <<http://www.youtube.com/watch?v=6iPsuezOcjA>>. Acesso em: 20 jul. 2014.

A figura a seguir, à direita, traz um resumo esquemático das moléculas e estruturas envolvidas nos processos de discutidos até aqui.



Correspondência entre as unidades do DNA e do RNA e os aminoácidos da proteína a ser sintetizada



(Esquerda) Transcrição e tradução gênica e os três tipos de RNAs – mensageiro, transportador e ribossômico. Note a sincronia dos três na produção das proteínas.



(Direita) De forma esquemática, são apresentadas as moléculas e estruturas envolvidas nos processos de transcrição e tradução gênicas.

Finalmente, a proteína sintetizada será encaminhada para o complexo de Golgi para sua finalização e endereçamento celular.

A proposta de trabalho com os alunos tem as seguintes etapas:

1. Na primeira aula de Biologia seria bastante proveitoso ver a segunda parte do documentário que trata justamente da molécula de DNA. Ao mesmo tempo, no curso de Matemática, os alunos poderiam assistir à primeira parte que versa sobre o “Homem Vitruviano”. Essa aula seria uma espécie de sensibilização e primeiro contato com o tema. Ainda, nessa aula, após ver o documentário, o professor poderia levantar com a turma aquilo que os alunos já conhecem sobre o tema, ou fazer um levantamento acerca de dúvidas e representações sobre o papel do DNA nos seres vivos e suas possibilidades de manipulação.
2. Na segunda aula o professor poderia iniciar uma discussão de caráter histórico mostrando como o DNA se tornou a molécula da hereditariedade. Aqui poderia ser solicitada aos alunos uma tarefa de pesquisa mais detalhada sobre os experimentos que levaram o DNA à categoria de molécula da hereditariedade e/ou que produzissem uma síntese da apresentação. Parece-nos valioso que os aspectos sobre a natureza da ciência sejam amplamente discutidos com os alunos. Como vimos, os trabalhos de Mendel demoraram a ser reconhecidos como relevantes e, mesmo depois dos experimentos de Avery, a molécula do DNA ainda não estava aceita como a responsável pela transmissão hereditária. Essa síntese pode ser usada como um instrumento de avaliação da aprendizagem dos alunos.
3. A terceira aula é a discussão sobre o processo de duplicação do DNA. Aqui seria importante ressaltar as diferenças entre os conceitos de DNA, gene e cromossomo como exposto acima. Você pode utilizar os vídeos



sugeridos. Eles sempre trazem clareza ao entendimento dos processos envolvidos.

4. Na quarta aula a discussão é sobre o processo de transcrição. Aproveite aqui para acentuar a diferença entre as moléculas de DNA e RNA, salientando que a relação entre elas não é de transformação química, mas de cópia complementar. Utilize as imagens disponíveis nesta ficha e uma das sugestões de vídeo.
5. Na quinta e sexta aulas chegamos ao ponto mais complexo – a tradução gênica. É importante diferenciar a natureza química do material genético e das proteínas. Novamente, explicita que não se trata de transformação química, mas de uma decodificação da informação contido no RNAm que estava no DNA. Apresente a tabela de códons do RNAm. Você pode utilizar os *links* sugeridos.
6. Na sétima aula o professor pode trabalhar com exercícios de Biologia sobre o tema e, a partir daqui, entram as aulas em que as duas disciplinas envolvidas, Matemática e Biologia, estarão ligadas. Veja detalhes na parte interdisciplinar.

Como vimos, todo o processo é bastante complexo e abstrato, além de contar com estruturas bastante distintas, todas elas fundamentais para que o mecanismo funcione de maneira perfeita a fim de evitar erros de cópia ou tradução. No entanto, os erros ocorrem e, na maioria das vezes, nós sequer percebemos. São as mutações silenciosas, presentes em todos os seres vivos, imperceptíveis justamente porque o código genético é redundante. Apesar disso, às vezes os erros trazem consequências que podem ser incompatíveis com a vida, ou positivas, pois é graças a eles que a seleção natural pode atuar selecionando os mutantes mais adaptados. Vale a pena destacar e discutir com os alunos essa característica. No geral, tem-se a ideia de que as mutações são sempre perceptíveis e ruins, mas, de fato, não é assim que ocorre. Nossa



proposta de interdisciplinaridade com a Matemática tem justamente o intuito de salientar isso.

Como avaliação do trabalho o professor pode solicitar a produção de síntese de aula, exercícios de fixação e uma avaliação formal.

Material

- Computador com acesso à internet.

Etapas

- Assistir ao documentário;
- Levantamento de conhecimentos prévios, dúvidas e representações sobre a molécula de DNA e suas possibilidades de manipulação;
- Discussão sobre como o DNA tornou-se a molécula da hereditariedade. Produção de síntese pelos alunos;
- Discussão sobre a duplicação com DNA com ênfase para os conceitos fundamentais de DNA, cromossomos e genes;
- Discussão sobre os processos de transcrição e tradução gênicas com explicitação das diferenças de natureza química e estrutural entre as moléculas de DNA, RNA e proteínas.
- Aula de exercícios de fixação e, posteriormente, uma avaliação formal.

Veja mais... (Acessos em: 20 jul. 2014)

- <<http://geneticanaescola.com.br/wp-home/wp-content/uploads/2012/10/Genetica-na-Escola-61-Artigo-13.pdf>>. - Genes, genomas, RNAs não codificadores e a complexidade biológica.
- <<http://genoma.ib.usp.br/wordpress/wp-content/uploads/2011/04/Projeto-Genoma-Humano.pdf>>. - O projeto Genoma.

❖ UM OLHAR PARA O DOCUMENTÁRIO A PARTIR DA MATEMÁTICA

Não haverá uma atividade disciplinar de Matemática e, sim, uma atividade interdisciplinar envolvendo a Matemática e a Biologia, elaborada a partir da segunda parte do documentário, sobre o modelo da dupla hélice do DNA.

Tal abordagem interdisciplinar partirá da análise de uma tabela na qual os códons do RNA apresentam-se distribuídos em linhas e colunas, de acordo com a combinação entre as bases (U, C, A e G). A composição dos códons não se dá de maneira uniforme, isto é, alguns aminoácidos são mais frequentes do que outros e, em função disso, possuem diferentes as probabilidades de ocorrerem mutações em um ou outro aminoácido. Com base nessa condição será possível criar uma série de situações problema envolvendo conceitos de probabilidade teórica e também de análise combinatória.



Material

- Computador com acesso à internet.

Etapas

- Assistir ao documentário;
- Desenvolver a solução de cálculo de probabilidades a partir da tabela com os códons.

Veja mais... (Acessos em: 20 jul. 2014)

- <<http://portaldoprofessor.mec.gov.br/fichaTecnicaAula.html?aula=1095>>. - Probabilidades: história e conceito;
- <<http://portaldoprofessor.mec.gov.br/fichaTecnicaAula.html?aula=1328>>. - A Probabilidade e os Jogos de azar;
- <<http://portaldoprofessor.mec.gov.br/fichaTecnicaColecao.html?id=346>>. - Projeto desenvolvido pela Unicamp e UFF que engloba recursos educacionais que abordam conteúdos relacionados à contagem, até técnicas específicas como as permutações, arranjos e combinações.

❖ UMA CONVERSA ENTRE AS DISCIPLINAS

Esta proposta foi pensada a partir de conteúdos clássicos do Ensino Médio tanto em Matemática quanto em Biologia. Assim, para Matemática o documentário nos pareceu uma boa ocasião para a discussão envolvendo cálculos de análise combinatória e probabilidade partindo do contexto fornecido pela Biologia. Nessa medida, o trabalho com as turmas poderá ser encaminhado praticamente em conjunto com os professores das duas disciplinas.

Considerando que os alunos possuem conhecimentos anteriores, de nível básico, acerca do princípio multiplicativo que estrutura a análise combinatória, o trabalho interdisciplinar poderá ser iniciado, pela Matemática, a partir de uma situação que, simultaneamente, retoma o estudo anterior e antecipa a análise dos casos de contexto da Biologia. Tal situação envolve o lançamento de um dado em forma de tetraedro regular com as faces numeradas de 1 a 4.





Ao lançar um dado desse tipo uma única vez são 4 possibilidades de resultados. Lançando-o duas vezes, são $4 \times 4 = 16$ possibilidades diferentes para as sequências numéricas que poderão ser formadas (11, 12, 13, 14, 21, 22, 23 etc.). Já em 3 lançamentos consecutivos, serão $4 \times 4 \times 4 = 64$ possíveis sequências numéricas diferentes. (111, 112, 113, ...212...323...444).

O professor poderá apresentar a situação para os alunos e pedir que eles avaliem o número de possibilidades de 1, 2, 3 ou mais lançamentos desse dado, induzindo-os a concluir que o número de possibilidades de n lançamentos é igual a 4^n .

Compreendido cálculo do total de possibilidades em n lançamentos sucessivos, o próximo passo poderá compreender o cálculo da probabilidade de ocorrência de um resultado desejado. Por exemplo, a probabilidade de que ocorra a sequência (1,1,1) em três lançamentos é igual a $\frac{1}{64}$, enquanto a probabilidade de que ocorram três faces iguais é $\frac{4}{64}$ ou $\frac{1}{16}$. As situações seguintes poderão ser propostas para que os alunos apliquem o cálculo de probabilidades.

Qual é a probabilidade de lançarmos três vezes, consecutivamente, um dado em forma de tetraedro regular, numerado de 1 a 4, com um algarismo em cada face, e observarmos, ao final, uma sequência:

- a) formada por algarismos diferentes entre si?*
- b) com apenas dois algarismos iguais a 1?*
- c) com apenas dois algarismos iguais?*

Resolução

a) Subtraímos a probabilidade de que os algarismos sejam todos iguais de 100%: $\left(1 - \frac{1}{16} = \frac{15}{16}\right)$.

b) Dentre as 64 sequências diferentes, em nove delas temos dois algarismos iguais a 1: 112, 121, 211, 113, 131, 311, 114, 141, 411: $\left(\frac{9}{64}\right)$.

De outra forma, poderíamos ter feito $\frac{1}{4} \times \frac{1}{4} \times \frac{3}{4} \times 3$, considerando os



lançamentos eventos independentes, que de fato são, multiplicando-os e, ao final, considerando a possibilidade de que o algarismo diferente de 1 ocupe uma das três posições da sequência.

c) Para dois algarismos iguais a 1, por exemplo, e o outro diferente de 1, temos 9 casos: 112, 113, 114 e as trocas entre os algarismos em cada uma dessas sequências. Para dois algarismos iguais a 2, ou a 3 ou a 4 a situação se repete. Logo, temos $4 \times 9 = 36$ casos esperados, sendo a probabilidade igual a $\frac{36}{64}$. De outra forma, poderíamos ter feito $\frac{4}{4} \times \frac{1}{4} \times \frac{3}{4} \times 3 = \frac{36}{64}$. Nesse caso, o raciocínio adotado seria este: o primeiro algarismo pode ser qualquer um; o seguinte deve ser igual ao que acabou se sair e, logo, temos apenas uma chance. O último algarismo deve ser diferente dos dois anteriores e, portanto, temos 3 chances em 4. Por fim, é preciso pensar nas permutações entre os algarismos de cada sequência e, por isto, o fator 3 ao final.

Após a discussão dos resultados obtidos pelos alunos nessas situações-problema propostas para o dado tetraédrico, os professores de Biologia e de Matemática poderão propor aos alunos que imaginem o mesmo dado, não com algarismos em suas faces, mas sim com as bases U, C, A e G, uma em cada face. Nessa condição, a formação da tabela de códons do DNA, com 64 casas, poderá ser compreendida.



SALA DE PROFESSOR

Segunda Base

		Segunda Base					
		U	C	A	G		
Primeira Base 5'	U	UUU } Fenil-alanina UUC } UUA } Leucina UUG }	UCU } Serina UCC } UCA } UCG }	UAU } Tirosina UAC } UAA } Stop codon UAG } Stop codon	UGU } Cysteine UGC } UGA } Stop codon UGG } Tryptophan	Terceira Base	U C A G
	C	CUU } Leucina CUC } CUA } CUG }	CCU } Prolina CCC } CCA } CCG }	CAU } Histidina CAC } CAA } Glutamina CAG }	CGU } Arginina CGC } CGA } CGG }		U C A G
	A	AUU } Isoleucina AUC } AUA } Metionina AUG } start codon	ACU } Treonina ACC } ACA } ACG }	AAU } Asparagina AAC } AAA } Lisina AAG }	AGU } Serina AGC } AGA } Arginina AGG }		U C A G
	G	GUU } Valina GUC } GUA } GUG }	GCU } Alanina GCC } GCA } GCG }	GAU } Ácido GAC } Aspártico GAA } Acido GAG } Glutâmico	GGU } Glicina GGC } GGA } GGG }		U C A G

A partir desse momento, os professores poderão em conjunto explorar as características da tabela, propondo cálculos de probabilidade de ocorrência de determinados eventos. Listamos a seguir alguns desses casos.

1. Considerando a formação de um aminoácido a partir das bases C, U, A e G, conforme registrado na tabela e, independentemente de quaisquer outras condições de natureza biológica, qual é a probabilidade de que esse aminoácido seja:

a) a leucina?

Resolução: A leucina é um aminoácido formado, como se pode observar na tabela, por 6 combinações possíveis entre as bases (UUA, UUG, CUU, CUC, CUA e CUG). Logo, a probabilidade de que tal aminoácido seja formado é de $\frac{6}{64}$.

b) formado apenas por bases diferentes?

Resolução: Este caso é semelhante ao analisado anteriormente, quando do lançamento do dado tetraédrico com expectativa de ocorrência de Algarismos diferentes.



c) formado por duas bases U?

Resolução: Este caso é semelhante ao analisado anteriormente, quando do lançamento do dado tetraédrico com expectativa de ocorrência de duas faces iguais a 1.

2. Dado que o aminoácido formado é a arginina, qual é a probabilidade de que ele tenha o códon A na primeira base?

Resolução: Temos aqui um caso de probabilidade condicional. Neste caso, o espaço amostral é determinado pelo conhecimento que se tem a respeito de uma ocorrência anterior que, aqui, se refere ao fato de o aminoácido ser a arginina. Como temos 8 formações possíveis para a arginina (CGU, CGC, CGA, CGG, AGA e AGG) e apenas duas delas têm o códon A na primeira base, a probabilidade é igual a $\frac{2}{6}$ ou $\frac{1}{3}$.

3. Formado um aminoácido com o códon C na primeira base, qual é a probabilidade de que ele seja a histidina?

Resolução: Também este é um caso de probabilidade condicional uma vez que é previamente conhecida a informação de que o aminoácido possui o códon C na primeira base. Observando a tabela de códons notamos que são 16 aminoácidos com C na primeira base, e que, destes, 2 são histidina. Logo, a probabilidade é igual a $\frac{2}{16}$ ou $\frac{1}{8}$.

4. Tomando por hipótese que a taxa de mutação para o códon referente à arginina seja igual a m , qual é a probabilidade de que um aminoácido formado ao acaso, independente de condições biológicas, seja arginina e sofra mutação?



Resolução: Há 6 entre 64 possibilidades de formação de arginina. Logo, temos $\frac{6}{64}$ de probabilidade de formação desse aminoácido. Para que seja formada a arginina e que esta sofra mutação a probabilidade será de $\frac{6}{64} \cdot 77$. O produto, neste caso, está associado ao fato de que se trata de dois eventos independentes.

5. Qual a probabilidade de se ter uma mutação não silenciosa da arginina caso a primeira base seja trocada?

Resolução: As seis possibilidades de formação de arginina são:

CGU, CGC, CGA, CGG, AGA e AGG.

Trocando-se a primeira base é possível que ocorra ou que não ocorra mutação silenciosa. Por exemplo, se a primeira base C de CGG for trocada para A será formada AGG, ainda arginina. Se, no entanto, a primeira base C de CGC for trocada para A, formando AGC, ocorrerá mutação para serina. Portanto, para o cálculo da referida probabilidade será preciso considerar caso a caso as possibilidades de trocas. No esquema a seguir estão assinaladas todas as possibilidades, com ou sem mutações.

ARGININA	Trocando a 1ª base	Aminoácido formado	Mutação: Sim/Não
CGU	AGU	Serina	Sim
	GGU	Glicina	Sim
CGC	AGC	Serina	Sim
	GGC	Glicina	Sim
CGA	AGA	Arginina	Não
	GGA	Glicina	Sim
CGG	AGG	Arginina	Não



	GGG	Glicina	Sim
AGA	CGA	Arginina	Não
	GGA	Glicina	Sim
AGG	CGG	Arginina	Não
	GGG	Glicina	Sim

Assim, dos 12 casos apresentados em 8 deles ocorrerá mutação caso a primeira base da arginina seja alterada. Portanto, a probabilidade é igual a $\frac{8}{12}$ ou $\frac{2}{3}$.

❖ BIBLIOGRAFIA, SUGESTÕES DE LEITURA E OUTROS RECURSOS

Livros e Revistas

BENNETT, Deborah J. Aleatoriedade. São Paulo: Martins Fontes, 2003.

BENTLEY, Peter. O livro dos números. Rio de Janeiro: Zahar, 2009.

KELLER, Helen Fox. O Século do Gene. São Paulo: Crisálida, 2002.

LEWONTIN, Richard. A Tripla Hélice. São Paulo: Companhia das Letras, 2002.

WATSON, James D. *DNA, O Segredo da Vida*. São Paulo: Companhia das Letras, 2005.

Sites e Outros recursos (Acessos em: 20 jul. 2014)

<<http://dreyfus.ib.usp.br/bio203/texto4.pdf>>.

<<http://www3.fsa.br/localuser/Biologia/Profa.%20Cristina/Princio%20Transformante.pdf>>.

<http://www.educacaopublica.rj.gov.br/oficinas/biologia/experimentos1/animacoes/a_experiencia_de_griffith.html>.

<<http://m3.ime.unicamp.br/recursos/1253>>