



DA.FM

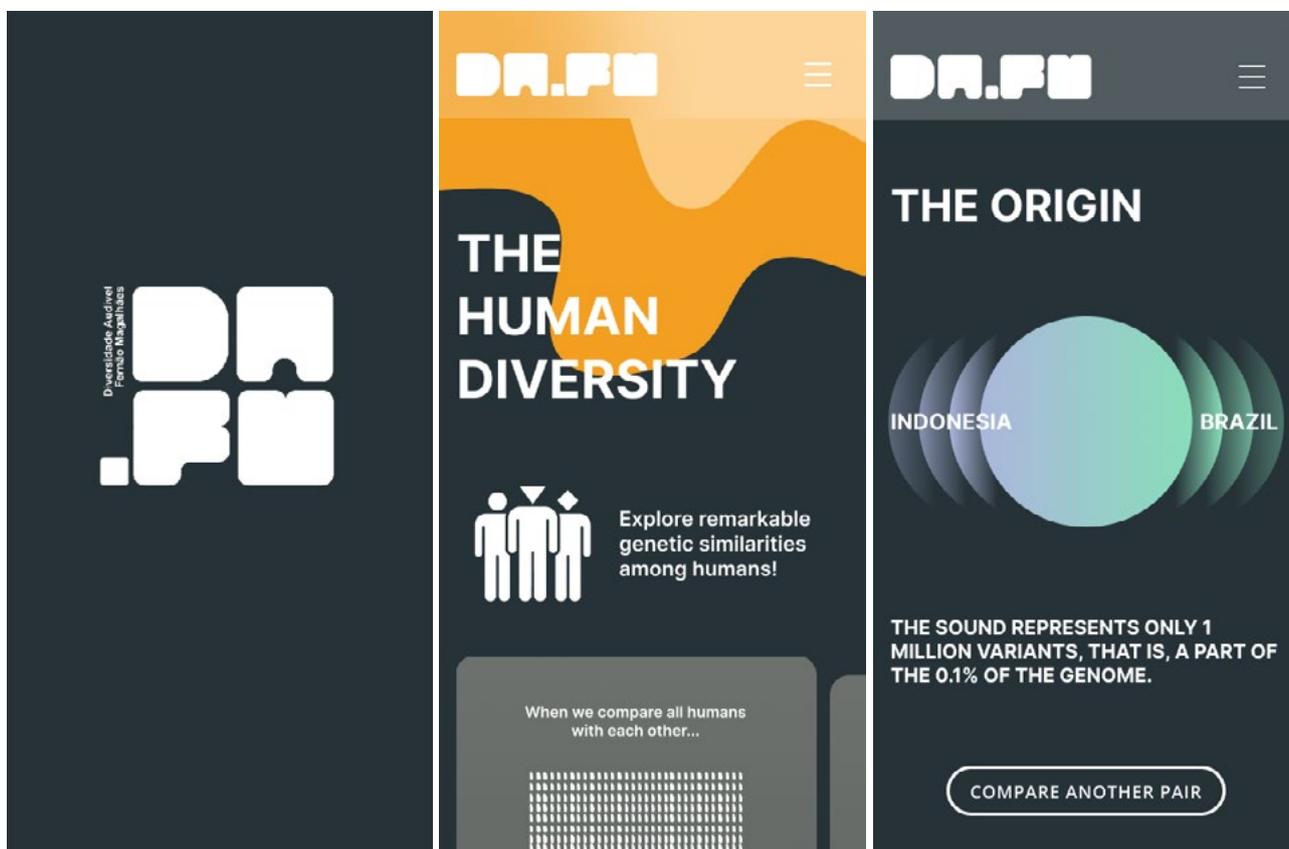
Orientação Pedagógica da Aplicação DA.FM

Financiamento: Este documento foi financiado por fundos nacionais através da FCT - Fundação para a Ciência e a Tecnologia, I.P., no âmbito do projeto "CIRCNA/CIS/0142/2019" - "Diversidade humana no espaço da circum-navegação de Magalhães: genética, história e cultura". Mais informação em <https://ancestrytraveller.i3s.up.pt>



DA.FM

Projeto “Diversidade humana no espaço da circum-navegação de Magalhães: genética, história e cultura”



Esta aplicação foi desenvolvida no contexto do projeto “Diversidade humana no espaço da circum-navegação de Magalhães: genética, história e cultura”. Inspirado na viagem de circum-navegação de Fernão Magalhães, há 500 anos, este projeto dedicou-se à diversidade humana, interligando genética, história e cultura. Essa primeira viagem global foi o ponto de partida para explorar a ancestralidade, um conceito extremamente complexo, diverso e muitas vezes envolto em contenção. Dele resultaram várias atividades públicas e recursos didáticos.

Um dos resultados desta jornada foi uma exposição de arte e ciência, explorando vários conceitos de genética humana e como eles se ligam. Parte desta aplicação, **“Diversidade Audível”**, fez parte da **exposição**.

A aplicação foi posteriormente expandida de modo a dar ao utilizar uma visão global e sintética de alguns dos conceitos base explorados no projeto, nomeadamente o genoma humano, a diversidade humana, a viagem de expansão humana e a primeira viagem global.

Genoma Humano

O DNA (ácido desoxirribonucleico) é composto por quatro bases de nucleótidos - adenina (A), citosina (C), guanina (G) e timina (T) - que se repetem até mil milhares de vezes, dependendo do tamanho do genoma.

As bases emparelham de forma específica (A-T; C-G) e esta complementaridade permite a formação da cadeia dupla de DNA, formando uma estrutura de dupla hélice. No total, o genoma humano inclui sequências que codificam informação na forma de outra molécula (proteínas, RNAs de transporte, micro RNAs - áreas designadas de DNA codificante) e áreas com outras funções (por exemplo, reguladoras) ou de função desconhecida (DNA não codificante).

O genoma humano é composto por duas cópias de 23 moléculas de DNA.

As 23 moléculas contêm aproximadamente 3,1 mil milhões de bases, das quais apenas 3,1 milhões (0,1%) correspondem a posições variáveis. Essas zonas variáveis são responsáveis pela diversidade genética entre todos os indivíduos.

RECURSOS:

1. **Video "What is DNA and How Does it Work?"**

Aqui abordam-se conceitos básicos sobre o que é o DNA e como este funciona e como é a sua estrutura.

2. **Video "DNA Structure and Replication"**

Este vídeo explica em mais detalhe a incrível molécula que é o DNA e como este se replica nas nossas células.

Diversidade Humana

O genoma humano contém cerca de 3,1 mil milhões de pares de bases, distribuídos por 23 cromossomas. Entre dois seres humanos, a quantidade de variação genética é de cerca de 0,1 %.

A diversidade das populações atuais, que passaram por inúmeros fenómenos naturais e alterações culturais, levam à errada perceção que somos mais diferentes do que somos realmente. Isto é resultado de sermos uma espécie jovem. Outros mamíferos, como os javalis ou os gatos, têm uma diversidade 4 vezes superior à dos seres humanos. Até a espécie mais próxima de nós (chimpanzés), que tem uma população muito reduzida, possui uma diversidade genética de quase 0,2%, o dobro da nossa.

A contrariar este fenómeno, está o aumento da diversidade devido à nossa longa história de miscigenação. Apesar dos conflitos sociais, históricos e culturais, quando se faz um teste de ancestralidade, é-se confrontado com o enorme contributo das migrações, pré-históricas e históricas, para a nossa herança genética.

Para além disso, a variação genética em todo o mundo está distribuída de uma forma contínua; não existem fronteiras nítidas entre grupos populacionais humanos. Os resultados da investigação demonstram que cerca de 85% de toda a variação genética humana existe dentro das populações humanas, enquanto que apenas 15% da variação existe entre populações.

RECURSOS:

1. **Video “Are We All Related?”**

Este vídeo explica como a matemática e a genética nos mostram que somos todos da mesma família e todos partilhamos antepassados.

2. Informação sobre diversidade genética humana do **“National Human Genome Research Institute”**. Esta organização é uma das maiores autoridades no campo da genómica. No seu website pode encontrar-se informação geral sobre o tema e recursos educativos para professores e alunos.

3. **Video “The DNA Journey”**

Este vídeo tornou-se viral e foi um projeto de uma empresa de viagens. Convidaram 67 pessoas de todo o mundo a fazer um teste de ancestralidade. O resultado foi descobrir que têm muito em comum do que imaginavam.

Diversidade Humana

A primeira grande viagem da humanidade foi a expansão do humano moderno (*Homo sapiens*) por todo o globo. Com génese em África há 300 000 – 200 000 anos, só há cerca de 70 000 anos é que ocorre a migração bem-sucedida de um pequeno grupo de humanos modernos para fora de África, aproveitando as condições favoráveis para se expandirem pelo imenso território terrestre. A expansão deu-se rapidamente em termos evolutivos, e foi sendo feita por vagas de pequenos grupos que se expandiram e multiplicaram nos novos territórios alcançados. Um dos efeitos genéticos deste processo de expansão, feita por pequenos grupos fundadores, foi a redução da diversidade genética das populações, quanto mais afastadas estavam da região original.

RECURSOS:

1. **Video “Why Human Ancestry Matters: Crash Course Big History 205”**

Este vídeo é uma breve narrativa da expansão dos humanos modernos desde a sua origem em África há 300-200 mil anos. Os conteúdos aqui narrados, são similares aos narrados na nossa **exposição “Um Percorso pela Diversidade Genética Humana”**.

2. **Video “Map Shows How Humans Migrated Across the Globe”**

Pequeno video que mostra como os primeiros seres humanos se espalharam a partir da África Oriental por todo o mundo.

3. A utilização de uma ferramenta didática criada neste projeto, o **Globo 3D**, e as instruções associadas. Este globo contrapõe duas grandes viagens, a viagem de expansão humana e a primeira circum-navegação, por Magalhães e Elcano.
4. Para explorar como a grande viagem da humanidade influenciou a variabilidade das populações atuais e conceitos básicos de genética de populações, sugerimos o **jogo Populações**. O jogo foi desenvolvido também no contexto deste projeto e introduz de forma lúdica conhecimentos sobre genética de populações simulando como a diversidade pode evoluir ao longo do tempo, em resultado de diferentes fenómenos, e explorando também os riscos da baixa diversidade.

Primeira Viagem Global

A primeira viagem global circunda o vasto “arquipélago” de continentes e foi realizada entre 1519 e 1522. A viagem de Fernão Magalhães e Juan Sebastián Elcano é feita por via marítima e dá-se, praticamente sempre, pelo hemisfério sul. Esta viagem segue em direção oposta à expansão humana, iniciada 70 000 anos atrás, realizada essencialmente por terra. Muitos dos marcos dessa segunda viagem já eram, à época, pontos de efervescência comercial, encontro de várias culturas e cruzamento de linhagens. Afinal, muitas gerações de humanos modernos construíram, destruíram e reconstruíram geografias, culturas e saberes. Mas foi essa viagem que provou serem possíveis as viagens globais por mar.

PROPOSTA DE EXPLORAÇÃO:

Para explorar a viagem de Fernão Magalhães e Juan Sebastián Elcano sugerimos:

1. exploração da viagem completa de Magalhães na **aplicação magalhaes2020** produzida pelo jornal Expresso.
2. A leitura dos textos **“Série: Encontros, Equívocos, e extensões da memória: Legados da Viagem de circum-navegação”** escritos por investigadores do nosso projeto com uma perspectiva crítica da história da viagem de Magalhães e Elcano.

3. A utilização de uma ferramenta didática criada neste projecto, o **Globo 3D**, e as instruções associadas. Uma das nossas sugestões é o uso do globo em conjunto com **a ferramenta interativa da Population Education**. Esta aplicação permite explorar a evolução da população em correlação com acontecimentos históricos. Os alunos podem explorar os eventos históricos no período da viagem de circum-navegação, que se realiza entre 1519-1522. Explorando os eventos, por exemplo entre 1500-1550, poderão discutir as circunstâncias geopolíticas entre a península ibérica e o local de destino, as Ilhas Molucas.

DA.FM (Diversidade Audível)

Entre humanos só 0,1% do genoma varia, resultado da alteração de bases na enorme sequência de DNA. Hoje conhecem-se praticamente todos os locais onde é provável que dois indivíduos possam ter uma base diferente. Por isso, para caracterizar a sua ancestralidade, não é necessário sequenciar o genoma inteiro, mas sim caracterizar que bases estão presentes nesses locais variáveis.

Para compreender este processo é importante perceber o que é um **SNP “Single nucleotide polymorphism”**.

SPN, Polimorfismo de um único nucleótido, é uma variação entre indivíduos na posição de um único nucleótido numa sequência de DNA.

Se mais de 1% de uma população não tiver o mesmo nucleótido numa posição específica da sequência de DNA, então esta variação pode ser classificada como um SNP.

Os SNP ocorrem em todo o DNA, inclusive zonas não codificantes (em que o DNA não codifica proteínas). Ocorrem, em média, quase uma vez em cada 1.000 nucleótidos, o que significa que existem cerca de 4 a 5 milhões de SNP no genoma de um indivíduo.

A maioria dos SNP não tem qualquer efeito na saúde ou desenvolvimento. No entanto, algumas destas diferenças genéticas ajudam a prever a resposta de um indivíduo a determinados medicamentos, a suscetibilidade a factores ambientais, e o risco de desenvolver doenças.

RECURSOS:

1. **Video “Genetics 101: What are SNPs?”** Este vídeo, resultado de uma colaboração entre a Khan Academy e a 23andMe, explica o que são SNPs e como podem ser utilizados para compreender semelhanças e diferenças entre indivíduos.

Em investigação utilizam-se diferentes métodos para detetar variabilidade genética. Alguns são concebidos para detetar apenas variantes conhecidas. Pode ser importante, por exemplo, saber se uma pessoa herdou uma determinada variante com impacto na saúde. Nesses casos pode realizar-se um teste de DNA específico para identificar se a pessoa tem essa variante. Outros métodos permitem analisar o DNA para detetar a presença de um grande número de variantes conhecidas, é o caso dos testes de microarray, em que se podem detetar centenas de milhares de SNPs de uma só vez.

O microarray é uma espécie de “chip” que contém milhares de pontos com cadeias individuais de DNA, alguns são fragmentos do gene normal e outros são as variantes genéticas de interesse. O DNA da amostra liga-se ao DNA no chip. Quando se tem uma variante específica, o DNA liga-se ao ponto do chip com essa variante.

Posteriormente os dados são comparados com bases de dados de referência, que contêm as variantes associadas a diferentes grupos populacionais. Se tiver uma variante que é encontrada apenas em europeus ou africanos, então é muito provável que tenha antepassados nessa região geográfica. O genoma testado é comparado com a base de dados de referência para identificar quais as variantes presentes e é compilado um relatório com base nessa análise. A informação de ancestralidade no relatório irá depender sempre da base de dados de referência utilizada.

RECURSOS:

1. Mais **informação sobre DNA microarray**
Página da wikipedia com informação detalhada sobre o funcionamento de DNA microarray, os seus usos e tipos.
2. Artigo **“The limits of ancestry DNA tests, explained”**
Artigo com vídeo que explica como funciona um teste de ancestralidade e introduz algumas questões sobre o modo como entendemos os seus dados e resultados.

A aplicação “Diversidade Audível” parte de dados individuais de perfis genéticos (cerca de 1 milhão de variantes) de 15 indivíduos, de 5 pontos geográficos relacionados com a expedição de Fernão Magalhães. Através de uma tradução musical, podemos perceber sonoramente aquilo que é uma análise da variabilidade genética. O método de sonificação adotado foi a audificação, no qual se comparam os resultados dos dados genéticos específicos de cada indivíduo. O nível de variabilidade genética é simbolizado através do espectro sonoro, sempre que comparamos dois indivíduos. Valores mais baixos de variabilidade genética são representados por sons de baixa intensidade, e, inversamente, uma variabilidade genética elevada traduz-se em sons mais intensos, acompanhados por um padrão rítmico mais rápido.

Breve descrição de ancestralidade das populações dos 5 pontos analisados

- PORTUGUESES

Os portugueses têm uma ancestralidade diversificada, moldada por milénios de eventos na Península Ibérica. Os primeiros habitantes foram caçadores-recoletores que chegaram à região há 40 mil anos. Durante a última Idade do Gelo, a Península serviu como refúgio climático, permitindo a sobrevivência das populações humanas que mais tarde migraram para outras partes da Europa. A chegada da agricultura há 7.500 anos contribuiu também para o perfil genético diversificado, mantendo uma forte componente de caçadores-recoletores. Há cerca de 5.500 anos, migrantes das estepes russas e ucranianas chegaram à Península, substituindo parcialmente a população masculina existente. A partir do primeiro milénio a.C, os celtas começaram a chegar à Península Ibérica e influenciaram especialmente o Norte. Durante o período romano, houve uma intensificação das interações e migrações, trazendo influências judaicas e norte-africanas para a península. Após a queda do Império Romano, tribos germânicas como suevos e visigodos estabeleceram-se na Península Ibérica, deixando os seus traços genéticos. Entre os séculos VIII e XII, a conquista muçulmana trouxe contribuições genéticas mouriscas e judaicas. Durante a Idade Média, genes sefarditas aumentaram devido às migrações judaicas e ao comércio e escravatura com a África subsaariana. Influências menores incluem assentamentos vikings entre os séculos IX e XI, especialmente nas regiões do Douro e Minho, e influências pré-romanas de fenícios e gregos nas áreas costeiras do sul. Assim, a ancestralidade dos portugueses atuais reflete uma complexa mistura de culturas e origens genéticas, sendo uma das regiões na Europa com maior diversidade genética.

- BRASILEIROS

A população brasileira é das mais heterogêneas do mundo, com três principais componentes – Europeia, Africana e Nativo-Americana - e uma extensa miscigenação, resultado de mais de 500 anos de interações entre os diferentes grupos étnicos. Os povos indígenas foram os primeiros habitantes do Brasil, cuja diversidade deixou uma marca significativa na população atual. A chegada dos europeus, principalmente portugueses, a partir do século XVI, trouxe a mistura genética com as populações indígenas, predominante entre homens europeus e mulheres indígenas. Durante séculos, o Brasil foi um dos maiores destinos do tráfico transatlântico de escravos, trazendo milhões de africanos da África Ocidental, principalmente da Guiné, Congo, Angola, Moçambique e Nigéria. A contribuição genética e cultural desses africanos é profunda e influencia muitos aspectos da sociedade brasileira contemporânea. O Brasil recebeu ainda grandes vagas de imigrantes de várias partes do mundo no final do século XIX e início do século XX, nomeadamente italianos, alemães, japoneses, sírios, libaneses. A composição genética no Brasil revela uma distribuição geográfica diversificada, reflexo da história de ocupação de cada região.

No Nordeste, onde a chegada de escravos africanos foi mais significativa, observa-se o predomínio da ascendência africana. No Sul, onde se inclui o Rio de Janeiro, um intenso fluxo migratório europeu nos séculos XVIII e XIX contribuiu para a maior proporção de ascendência europeia no país, alcançando 81,8%. A região Norte, devido à sua localização geográfica isolada e à Amazônia, teve uma ocupação mais tardia, com alta presença de populações indígenas.

- INDONÉSIOS

A ancestralidade da Indonésia reflete a complexa história de migrações e interações culturais no arquipélago, apresentando dois principais componentes genéticos ancestrais – Papua e Asiática. A componente da Papua, que tem origem nos primeiros humanos modernos em Sunda e Sahul (antigas massas de terra na região durante os períodos de glaciação), atinge sua maior frequência no leste da Indonésia, mas está essencialmente ausente a oeste da linha de Wallace, que separa as faunas distintas de Sunda e Sahul. A componente genética asiática, a mais frequente, teve a sua origem possivelmente via Taiwan, há cerca de 5.500 anos, estando associada à expansão Neolítica dos falantes austronésios. A expansão das práticas agrícolas influenciou significativamente a variabilidade genética das populações locais, facilitando interações e trocas culturais com grupos vizinhos do sudeste asiático. As rotas marítimas que conectavam a Indonésia com outras partes da Ásia, como a Índia, China e até mesmo o Oriente Médio, desempenharam um papel crucial na introdução de novos elementos genéticos e culturais. No entanto, em comparação com outras regiões do mundo, a componente de miscigenação na Indonésia tende a ser menos pronunciada. A diversidade genética da população indonésia reflete principalmente influências asiáticas, mantendo uma identidade genética distinta dentro do Sudeste Asiático.

- TIMORENSES

Timor-Leste, no Sudeste Asiático, apresenta uma herança genética e cultural influenciada por povos da Ásia, Pacífico e, mais recentemente, Europa. Os primeiros habitantes de Timor-Leste foram os povos austronésios que se expandiram pelo Sudeste Asiático e Pacífico. Estes migrantes, vindos possivelmente de Taiwan há cerca de 4.000 a 5.000 anos, trouxeram consigo a agricultura, a tecnologia de navegação e novas línguas, deixando uma marca significativa na composição genética dos habitantes atuais. Além da herança austronésia, os timorenses também possuem uma contribuição genética significativa dos povos papuanos, descendentes dos primeiros humanos modernos a ocupar a região de Sunda e Sahul, que incluía a Nova Guiné e a Austrália, há mais de 40.000 anos. Em Timor-Leste, esta ancestralidade é mais evidente nas regiões montanhosas e áreas mais isoladas, refletindo a complexa história de migração e mistura genética. Com a chegada dos exploradores europeus no século XVI, primeiramente os portugueses e depois os holandeses, iniciou-se um novo capítulo na história de Timor-Leste. A presença portuguesa, que durou mais de 400 anos, trouxe influências culturais, linguísticas e, em menor grau, genéticas. A diversidade genética observada nos timorenses é um testemunho da história multifacetada de migração e interação humana na região.

- CABOVERDIANOS

Os primeiros habitantes das ilhas de Cabo Verde foram os povos africanos, em particular os de origem senegambiana e guineense, que foram trazidos para o arquipélago como escravos durante os séculos XV e XVI. Estes grupos africanos contribuíram significativamente para a composição genética da população cabo-verdiana atual. Além da herança africana, os cabo-verdianos também possuem influências europeias devido à colonização portuguesa que começou no século XV. Os colonos portugueses trouxeram não só a sua cultura e língua, mas também genes europeus que se misturaram com a população local ao longo dos séculos. Essa mistura resultou em uma diversidade genética única, com cabo-verdianos exibindo uma ampla gama de traços físicos e genéticos. Estudos genéticos recentes têm mostrado que os cabo-verdianos são um exemplo notável de como diversas influências históricas e culturais moldaram a sua composição genética única. Esta rica mistura de ancestralidades é um reflexo da história multifacetada e das interações humanas ao longo dos séculos em Cabo Verde.

PROPOSTA DE EXPLORAÇÃO:

1. Discutir com os alunos:

- Porque é que populações recentes e/ou pouco miscigenadas são menos diversas?
- Porque é que populações antigas e muito miscigenadas são mais diversas?
- Porque é que indivíduos de populações com ancestralidade mais distinta possuem maior variabilidade comparada

2. Na aplicação **comparar dois indivíduos timorenses**, dois indivíduos brasileiros e dois indivíduos de populações distintas. Tendo em consideração a informação, previamente fornecida, sobre a ancestralidade dessas populações, discute os sons que ouviste e o seu potencial significado.

3. Como é que o DNA revela nossa ancestralidade?

Explore como é que o DNA pode ser usado para identificar a história familiar e identificar origens geográficas.

4. O que são marcadores genéticos?

Explique como é que diferentes marcadores no DNA podem indicar a presença de doenças, características físicas ou linhagens ancestrais.

5. Quais são as limitações do teste de DNA para ancestralidade?

Reflita sobre as imprecisões e vieses que podem existir nos resultados, assim como a influência de populações mistas e a falta de dados completos para todas as regiões do mundo. Pode usar o artigo **"The limits of ancestry DNA tests, explained"**.

6. Como é que o conhecimento sobre a ancestralidade influencia nossa identidade?

Discuta a importância de compreender a ancestralidade e o modo como essa informação pode moldar a percepção que tem de si mesmo.

7. Quais são as implicações sociais e culturais da descoberta de uma ancestralidade inesperada? Discuta como é que a descoberta de linhagens diferentes do que se esperava pode impactar a identidade e a visão do mundo.

8. Como é que a ancestralidade se conecta com a história e a cultura? Explore o papel da genética na compreensão de migrações, interações entre culturas e a formação de identidades étnicas e nacionais.

9. Como o estudo da genética pode contribuir para a preservação da diversidade cultural e biológica? Discuta a importância de proteger a diversidade genética humana e os desafios de preservar a história e a cultura de diferentes grupos étnicos.

10. Utilizar o **website "Sapiens Teaching"** como ferramenta complementar na exploração destas temáticas. Esta ferramenta de ensino é dedicada à interseção de pedagogia, etnografia e antropologia. E inclui guias de discussão, atividades e reflexões.

- **Explorar de modo guiado a página.**

Divida os alunos em pequenos grupos e atribua diferentes seções da página a cada grupo. Dê a cada grupo uma tarefa específica, como identificar e explicar métodos de pesquisa histórica, discutir conceitos-chave ou analisar estudos de caso apresentados na página. Peça a cada grupo para apresentar as suas descobertas, promovendo assim a troca de informações e perspectivas.

- **Debater em sala de aula**

Utilize perguntas abertas para promover discussões, como "Quais métodos são mais eficazes no estudo da história?" ou "Como os conceitos históricos influenciam nossa compreensão do passado?". Organize debates sobre a relevância e aplicação de diferentes métodos e conceitos históricos em estudos contemporâneos.

- **Realizar atividades Interativas:**

Peça aos estudantes para usarem um método histórico específico a um estudo de caso fornecido na página, analisando as suas descobertas e conclusões.

Peça aos estudantes para criarem uma linha do tempo colaborativa que inclua os métodos históricos discutidos e os contextos em que foram aplicados.

Financiamento: Este documento foi financiado por fundos nacionais através da FCT - Fundação para a Ciência e a Tecnologia, I.P., no âmbito do projeto "CIRCNA/CIS/0142/2019" - "Diversidade humana no espaço da circum-navegação de Magalhães: genética, história e cultura". Mais informação em <https://ancestrytraveller.i3s.up.pt>

