



Fundação Osorio

Revista Científica

BIOINFORMÁTICA NO ENSINO MÉDIO: APLICATIVO PARA O ENSINO DE GENÉTICA MOLECULAR E EVOLUÇÃO

Bioinformatics in Secondary School: An App to teach molecular Genetics and Evolution.

Pedro Rebello de Moraes¹, Renan Luiz dos Santos Nascimento², Ana Luiza Nogueira de Oliveira

Pires³ Felipe Alves dos Santos Lopes⁴ & Anna Carolina de Oliveira Mendes⁵

¹Fundação Osorio, Rio de Janeiro, RJ, Brasil. Lattes: <https://lattes.cnpq.br/5116748750585174>; ²Fundação Osorio, Rio de Janeiro, RJ, Brasil. Lattes: <http://lattes.cnpq.br/4546564662735359>; ³Fundação Osorio, Rio de Janeiro, RJ, Brasil. Lattes: <https://lattes.cnpq.br/9586616566199218>; ⁴Instituto Nacional de Traumatologia e Ortopedia, Rio de Janeiro, RJ, Brasil. Lattes: <http://lattes.cnpq.br/3620285996814490>; ⁵Fundação Osorio, Rio de Janeiro, Brasil, Lattes: <http://lattes.cnpq.br/1863345897360638>

Resumo

Genética e Evolução são vistas como um campo central da Biologia, posto que seus conteúdos transpassam diversas áreas. Por isso, o tema deve contribuir para a formação de um pensamento crítico. Nesse cenário, o objetivo do presente estudo foi elaborar um aplicativo de Bioinformática para alicerçar estratégias didáticas em aulas de Genética e Evolução no Ensino Médio. A pesquisa possui caráter descritivo com abordagem qualitativa e foi realizada com a participação de onze estudantes matriculados no segundo e terceiro anos do Ensino Médio de uma escola pública federal localizada no Rio de Janeiro. Elaborou-se um aplicativo cujo nome dado foi Biology To Education, em que os processos de transcrição, tradução e alinhamento de sequências foram apresentados de forma bem intuitiva. A partir desse aplicativo foi desenvolvida uma estratégia didática com procedimentos experimentais in silico em que os alunos participantes deveriam responder a uma questão-problema proposta. Essa estratégia didática foi validada com os onze alunos da referida escola. Com os dados extraídos na etapa de validação, analisou-se a estratégia quanto à sua exequibilidade em aulas de Genética, ao passo que também foi identificado que a utilização de um aplicativo com ferramentas de Bioinformática contribui para o aprendizado de alguns temas de Genética Molecular e de Evolução, do mesmo modo que oportuniza aos alunos o contato mais estreito com a pesquisa científica, mediante a utilização de temas recorrentes na mídia.

Palavras-chave: Bioinformática, Ensino de Biologia e Ensino de Genética.

Abstract

Genetics and Evolution are seen as a key area as far as Biology is concerned, given their contents are studied in various disciplines. To this matter, the theme should contribute to fostering critical thinking. In this scenario, this study aims at developing a bioinformatics application to serve as a basis for teaching strategies in Genetics and Evolution classes in Secondary Education. The present is a descriptive study with qualitative approach and it was conducted with eleven senior-year students properly enrolled at a federal public school located in the city of Rio de Janeiro. A computer application called Biology To Education was developed so as topics as DNA transcription, translation and alignment could be presented in an intuitive and user-friendly way. From this application, a teaching strategy was also developed with in silico experimental proceedings in which students should answer a proposed question-problem. Such strategy was validated with eleven students from the referred school. The collected data was analysed to certify the strategy's feasibility in Genetics lessons. Likewise, it was possible to identify that using a Bioinformatics application enhances the learning process for some Molecular Genetics and Evolution topics, at the same time it narrows students' gap to scientific research by using recurrent mainstream media contents.

Keywords: Bioinformatics, Biology Teaching, Genetics Teaching.



1. Introdução

O ensino de Genética e Biologia Molecular apresenta um alto nível de abstração e muitas vezes se encontra descontextualizado em relação à realidade dos alunos (LEAL; MEIRELLES; RÔÇAS, 2019), tornando fundamental o desenvolvimento de novas metodologias e recursos didáticos para superar esse desafio. Neste contexto, a Bioinformática surge como uma alternativa pedagógica a ser utilizada ao longo das aulas.

A Bioinformática é o termo utilizado para se referir à combinação entre Computação, Tecnologia e Biologia Molecular (HAGEN, 2000). O campo busca superar barreiras nas áreas científicas por meio do desenvolvimento de novas abordagens que oferecem métodos inovadores para realizar análises e identificar dados biológicos (LESK, 2008).

Antes de se consolidar como um campo dentro das Ciências, a Bioinformática era vista como um paradoxo, já que a transposição entre o real e o imaginário não era evidente. Parecia improvável que estudiosos da Biologia pudessem utilizar ferramentas computacionais para auxiliar no desenvolvimento de novas estratégias de pesquisa científica (DE ARAÚJO *et al.*, 2008). Não há um marco exato para o surgimento da Bioinformática, pois foi o resultado de um conjunto de fatores que moldaram o campo como ele é hoje. Assim como em outras áreas das Ciências, a Bioinformática está em constante evolução.

Os avanços observados nas áreas de Genética e Biologia Molecular são evidentes. Diariamente, somos expostos à notícias sobre temas como transgenia, clonagem, terapia gênica, mutações e edição de genomas. Diante disso, o sistema educacional é cada vez mais pressionado a rever seus modelos de ensino, de modo que esses conceitos sejam discutidos em sala de aula, despertando o interesse dos alunos e possibilitando que construam seu próprio conhecimento e ressignifiquem o conteúdo. Nesse contexto, a Bioinformática surge como possibilidade de dinamizar as aulas e trazer ferramentas digitais interativas que oportunizem aos alunos compreenderem melhor os conceitos abstratos existentes no ensino de Genética Molecular. (MENDES, 2022).

As ferramentas atualmente disponíveis para trabalhar com a Bioinformática são, em sua maioria, pouco intuitivas e com o idioma principal o inglês, o que dificulta a utilização delas nas



salas de aula. Nesse contexto, o objetivo do presente trabalho foi elaborar um aplicativo de Bioinformática para alicerçar estratégias didáticas em aulas de Genética e Evolução no Ensino Médio.

2. Materiais e Métodos

2.1. Caracterização da Pesquisa

Este estudo tem caráter descritivo com uma abordagem qualitativa. A pesquisa qualitativa, aplicada no contexto educacional, busca produzir conhecimento ou desenvolver teorias sobre a realidade do ensino. A pesquisa qualitativa dá maior ênfase ao processo do que ao produto e, embora possa partir de uma hipótese inicial, seu objetivo não é testá-la, mas sim criar oportunidades para que, a partir dessa premissa, surjam novos questionamentos e reflexões (MOREIRA; MASSONI, 2017, p.126).

2.2. Contexto da Pesquisa

O contexto do presente estudo foi uma escola pública de ensino federal localizada na região central da cidade do Rio de Janeiro. A instituição atualmente contém 950 alunos divididos em três segmentos: ensino fundamental I, ensino fundamental II e Ensino Médio técnico (em Administração e Meio Ambiente). O mecanismo de admissão na escola é por sorteio no primeiro ano do fundamental I. O Ensino Médio técnico integrado apresenta, em sua grade curricular semanal, três aulas de Biologia e uma ementa bem extensa para ser cumprida ao longo dos três anos do Ensino Médio.

2.3. *Biology To Education (BTE)*

O BTE é um aplicativo desktop criado pelos autores do presente trabalho. O objetivo principal da sua criação foi oportunizar aos alunos e professores de Biologia do Ensino Médio o contato com ferramentas de Bioinformática para que estes consigam trabalhar conceitos de Genética Molecular e Evolução desenvolvendo capacidade analítica e conhecimentos suficientes para a resolução e/ou interpretação das questões-problemas propostas sobre os temas durante as aulas.



A aplicação web oferece um conjunto de ferramentas didaticamente integradas, permitindo que os alunos aprendam os conceitos que serão abordados durante a interação em sala de aula. O objetivo central é que, por meio de uma interface intuitiva, os alunos possam praticar e compreender os processos de desenvolvimento, facilitando a criação de hipóteses em Bioinformática.

2.4. Motivação

Ao retomar e aprofundar os conhecimentos acerca do assunto de Genética Molecular, foi possível perceber a dificuldade dos nossos colegas de classe de abstrair conteúdos e para consolidar aquele aprendizado. Visto isso, pensamos em criar uma aplicação intuitiva e didática para o uso dos alunos e professores da rede pública e privada que conseguisse tornar essa ideia abstrata em algo mais palpável, auxiliando assim na fixação e melhor compreensão do aplicativo. Inicialmente, pensamos em desenvolver a aplicação de forma web, mas ao pensarmos sobre o possível processamento de operações como a tradução envolvendo sequências genéticas maiores no servidor, passamos a ter receio que pudesse pesar muito a comunicação do que estava sendo feito. Então, decidimos que era melhor que as operações dependessem do processamento da máquina, e, portanto, passamos a aplicação para o meio desktop (figuras 1 a 8).

Como a transferência para o meio desktop foi feita de forma bem inicial, não houve muito problemas para que tal tarefa fosse realizada. As operações básicas como leitura, transcrição e tradução foram implementadas inicialmente, diferentemente da função de comparação.

A aplicação realiza essas operações em cima de arquivos de formato .fasta ou .fna, que são arquivos feitos especificamente para conter informações genéticas, tais como o DNA. Esses arquivos podem ser encontrados no sítio norte americano National Library of Medicine – NCBI, onde existem arquivos de pessoas reais, porém de forma anônima, o que ajuda a validar a utilização da aplicação.



Fundação Osorio

Revista Científica

Algumas imagens sobre a aplicação:



Figura 1 - Tela de login, onde o usuário é capaz de realizar login em conta registrada anteriormente.

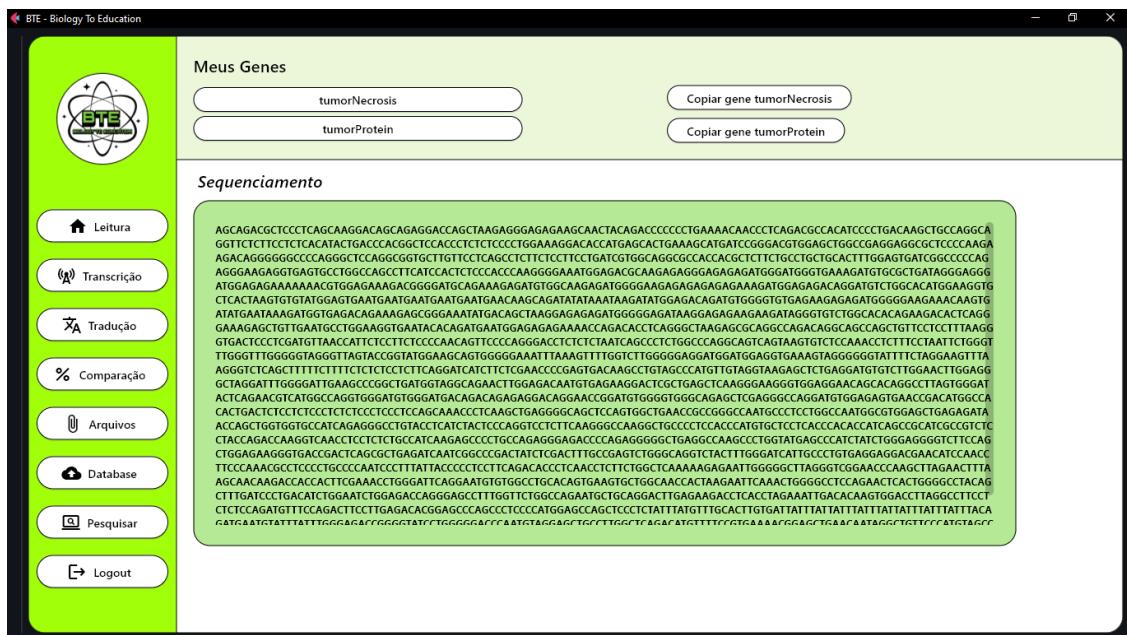


Figura 2 - Tela de Leitura inicial. Os botões na parte de cima são responsáveis por retornar os conteúdos das sequências genéticas dentro dos contêiners.



Fundação Osorio

Revista Científica

The screenshot shows the software's main window with a green sidebar on the left containing various buttons: Leitura, Transcrição, Tradução, Comparação, Arquivos, Database, Pesquisar, and Logout. The main panel has two tabs: 'Meus Genes' and 'Sequenciamento Transcrito'. In the 'Meus Genes' tab, there are two input fields: 'tumorNecrosis' and 'tumorProtein', each with a 'Copiar transcrição' button next to it. The 'Sequenciamento Transcrito' tab displays a large block of DNA sequence code.

Figura 3 - Tela de transcrição. É apresentada a transcrição do DNA ao clicar nos botões localizados na parte superior.

The screenshot shows the software's main window with a green sidebar on the left containing various buttons: Leitura, Transcrição, Tradução, Comparação, Arquivos, Database, Pesquisar, and Logout. The main panel has two tabs: 'Meus Genes' and 'Proteínas:'. In the 'Meus Genes' tab, there are two input fields: 'tumorNecrosis' and 'tumorProtein', each with a 'Copiar proteína' button next to it. The 'Proteínas:' tab displays a long list of protein sequences separated by hyphens.

Figura 4 - Tela de tradução. Ao clicar nos botões da aba de tradução, é possível retornar as proteínas obtidas na partir do processo anterior de transcrição.



Fundação Osorio

Revista Científica

Figura 5 - Tela de comparação. Nessa tela é possível selecionar tanto o DNA quanto o RNA e compará-los por meio de alinhamento global. Além disso, há o retorno de alguns dados estatísticos.

Figura 6 - Tela de troca de arquivos. Neste local é possível substituir o arquivo com o qual o usuário está trabalhando.



Fundação Osorio

Revista Científica

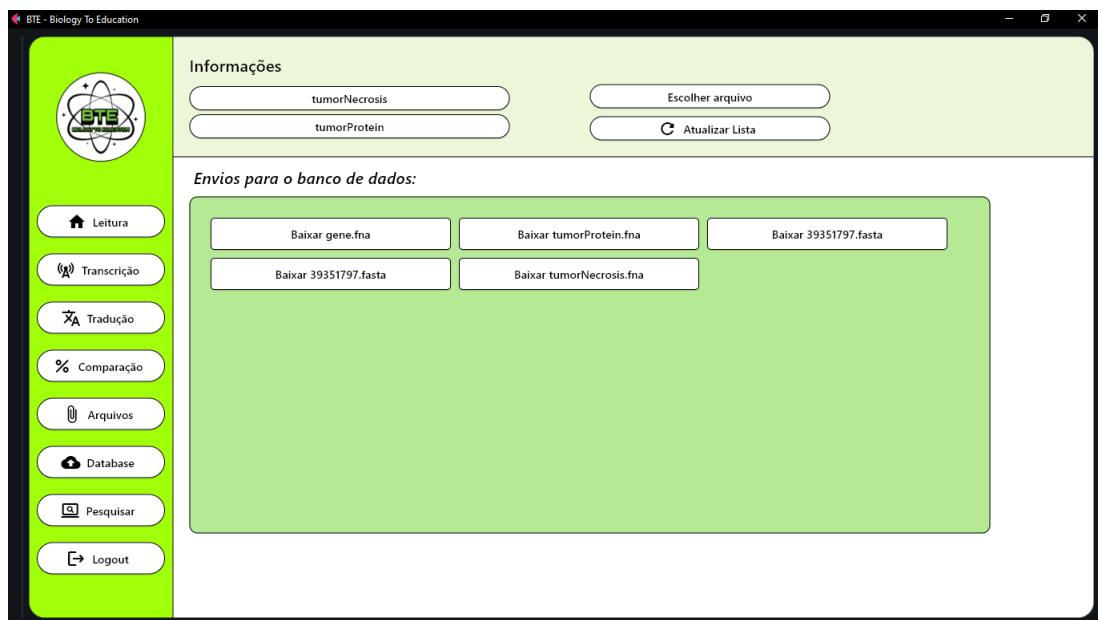


Figura 7 - Tela de banco de dados. Nesta aba o usuário é capaz de enviar um arquivo ao bando de dados e, posteriormente, baixá-los, se assim quiser. Como ação futura há o planejamento para adição de árvore filogenética com os dados do banco.

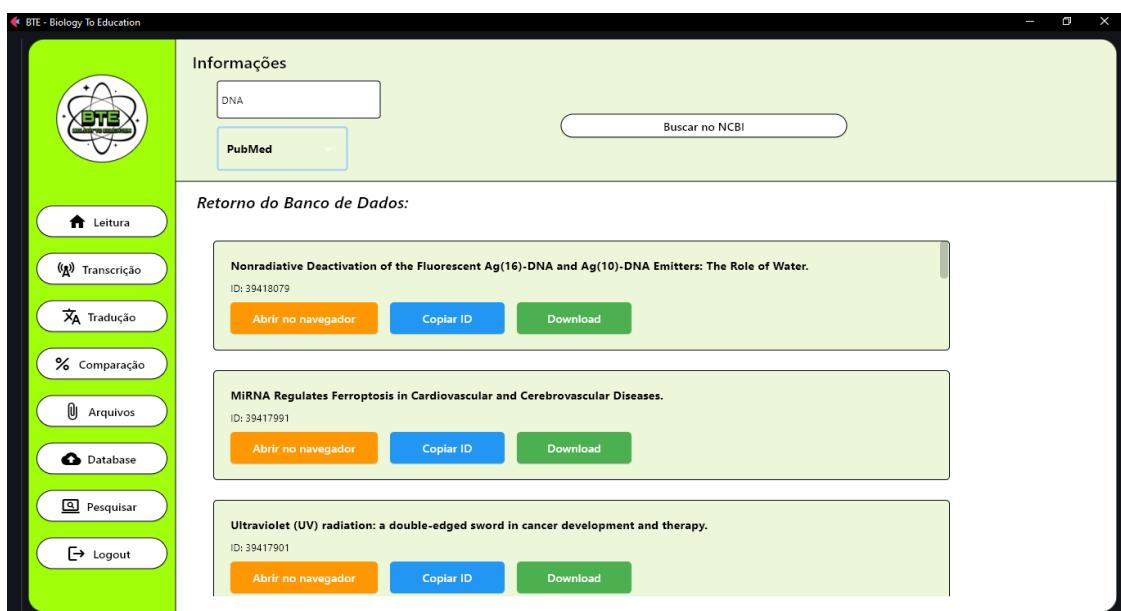


Figura 8 - Tela de pesquisa no NCBI. o usuário é capaz de realizar pesquisas no NCBI e ver os arquivos diretamente no navegador, assim como baixar o id para colocar no site e ter informações mais precisas e realizar o download do arquivo para utilizar na aplicação.



Fundação Osorio

Revista Científica

2.5. Estratégia didática

Uma estratégia didática foi desenvolvida utilizando a aprendizagem colaborativa. Como eram onze alunos, eles foram divididos em dois grupos: um de seis e outro de cinco alunos. A estratégia fora delineada nos moldes do Ensino por Investigação e aplicada em um encontro de duas horas de duração. Ao longo desse tempo, os alunos foram convidados a responder à questão-problema proposta (Figura 9). A questão-problema foi pensada para que os grupos promovessem debates entre si em busca do melhor caminho metodológico a ser seguido na resolução do problema.

QUESTÃO-PROBLEMA: “IMPACTO DAS MUTAÇÕES NA SÍNTESE DE PROTEÍNAS: UM ESTUDO DE CASO INVESTIGATIVO”?

Cenário: Joana, uma estudante de 16 anos, foi diagnosticada com anemia falciforme, uma doença hereditária que afeta a forma e a função das células vermelhas do sangue. Durante a consulta com um geneticista, Joana descobriu que sua doença é causada por uma mutação em um único gene responsável pela produção da proteína hemoglobina. Essa mutação afeta diretamente o processo de síntese de proteínas, alterando a estrutura da hemoglobina e comprometendo a função das hemácias.

1) Como uma única mutação genética pode alterar o processo de síntese de proteínas e causar uma doença como a anemia falciforme?

2) Observe as duas mutações exemplificadas abaixo:

Molécula 1 original	Molécula 1 mutante
---------------------	--------------------

UCU GU <u>U</u> AUU UAU UCU	UCU GU <u>C</u> AUU UAU UCU
-----------------------------	-----------------------------

Molécula 2 original	Molécula 2 mutante
---------------------	--------------------

GCU CAU AG <u>A</u> GAU GGU	GCU CAU AG <u>C</u> GAU GGU
-----------------------------	-----------------------------

Qual das duas moléculas sofreu alteração significativa com a mutação (1 ou 2)?

Análise de Dados: Utilizar o BTE para simular mutações e prever seus impactos na estrutura e função das proteínas.

Figura 9 - Questão-problema da sequência didática



Fundação Osorio

Revista Científica

3. Resultados e Discussão

BNCC destaca o caráter investigativo do Ensino de Ciências, uma vez que esse modelo, baseado na resolução de problemas, incentiva momentos de reflexão, debates, e a formulação e refutação de hipóteses pelos alunos. Nesse contexto, a estratégia didática pensada nesse estudo foi validada por onze alunos do ensino médio (Figura 10) utilizando a aprendizagem colaborativa. Conforme apontam Junior e Matsuda (2012), um instrumento pode ser considerado validado quando sua construção e sua aplicação permitem medir com precisão o que se pretende estudar.

A aprendizagem colaborativa é caracterizada como uma situação em que duas ou mais pessoas aprendem ou buscam aprender juntas (DILLENBOURG, 1999). O autor também ressalta que o conceito pode ser interpretado de diferentes maneiras, uma vez que o número de participantes pode variar de dois a milhares de indivíduos.



Figura 10 - Momento de validação com alunos do ensino médio.

Com os dados extraídos na etapa de validação, analisou-se a estratégia quanto à sua exequibilidade em aulas de Genética ao passo que também fora identificado que a utilização de um



aplicativo com ferramentas de Bioinformática contribui para o aprendizado de alguns temas de Genética Molecular e de Evolução, do mesmo modo que oportuniza aos alunos o contato mais estreito com a pesquisa científica, mediante a utilização de temas recorrentes na mídia.

Os estudantes, diante de uma prática de ensino por investigação, devem criar a percepção de que o procedimento científico, bem como a prática investigativa, transpassa o “descobrir coisas” ou até mesmo o “fazer experimentos”. De uma forma aproximada, os discentes devem compreender que a “mera” observação dos fenômenos não basta (SUTTON, 2003) nem o relato em si das etapas de forma desconexa, apenas para responder ao que é solicitado. É preciso que ocorra o debate entre os pares no trabalho em grupo, na pesquisa, na criação da linguagem científica e na habilidade de comunicar a Ciência para que mais debates sejam promovidos.

Ao final da atividade, os dois grupos realizaram uma análise geral da ferramenta utilizada para resolver a questão-problema, destacando como o instrumento contribui para o ensino de Genética. As alunas consideraram o BTE uma ferramenta eficaz para o aprendizado e manifestaram curiosidade em aprofundar seus conhecimentos sobre o tema, além de terem buscado material complementar. Elas também acharam interessante a experiência de utilizar uma plataforma que aborda assuntos complexos e demonstraram interesse em usá-la em uma aula futura.

Considerações Finais

A etapa de validação da estratégia didática que ocorreu com a plataforma BTE permitiu acessar a percepção dos alunos participantes sobre o uso de uma ferramenta de Bioinformática no ensino de Genética Molecular. Eles consideraram a prática com o BTE positiva, valorizando a oportunidade de conhecer uma ferramenta utilizada em pesquisas. Os alunos associaram essa atividade, que envolveu a resolução de um problema, a momentos que reduziram a abstração presente no ensino de Genética Molecular.

A partir dos dados coletados nessa etapa foi possível analisar a viabilidade da estratégia em aulas de Genética. Identificou-se que o uso de um aplicativo com ferramentas de Bioinformática contribui para o aprendizado de determinados temas de Genética Molecular e Evolução, além de



proporcionar aos alunos um contato mais próximo com a pesquisa científica, abordando temas frequentemente discutidos na mídia.

Agradecimentos

Agradecimentos à nossa orientadora e a Fundação Osorio pelos recursos materiais utilizados durante à pesquisa.

4. Referências Bibliográficas

DE ARAÚJO, N.D.; DE FARIAS, R.P.; PEREIRA, P.B.; DE FIGUEIRÊDO, F.M., DE MORAIS, A.M.B.; SALDANHA, L.C.; GABRIEL, J.E. A era da bioinformática: seu potencial e suas implicações para as ciências da saúde. **Estudos de biologia**, Curitiba, PUCPR, n.30, v.70, v.72. p. 143-148, 2008.

DILLENBOURG, P. What do you mean by “collaborative learning”? In: Pierre Dillenbourg (Ed.). **Collaborative- learning: Cognitive and Computational Approaches**. Oxford: Elsevier, p.1-19. 1999.

HAGEN, J.B. The origins of bioinformatics. **Nature Reviews Genetics**. Londres, Nature. v.1, p.231–236. dez. 2000. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/35042090>.

LESK, A.M. **Introdução à bioinformática**. Porto Alegre: Artmed. 2008.

JÚNIOR, J.A.B.; MATSUDA, L.M. Construção e validação de instrumento para avaliação do Acolhimento com Classificação de Risco. **Rev Bras Enferm, Brasília**, v. 65, n. 5, p. 751-757, set-out, 2012.

LEAL, C.A.; MEIRELLES, R. M. S. de; RÔÇAS, G. O que estudantes do Ensino Médio pensam sobre Genética? As concepções discentes baseadas pela metodologia análise de conteúdo. **Revista**

Eletrônica Científica Ensino Interdisciplinar, Mossoró, UFRN. v.5, n. 13, p.71-86. fev. 2019.
Disponível em: <http://natal.uern.br/periodicos/index.php/RECEI/article/view/1658/2271>.

MENDES, A.C.O. Em busca do letramento científico: análise de ferramentas de Bioinformática para o ensino de Genética no ensino médio. 2022. XIX, 272 f. Tese (**Doutorado em Ensino em Biociências e Saúde**) - Instituto Oswaldo Cruz, Fundação Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, 2022.

MOREIRA, M.A.; MASSONI, N.T. **Pesquisa Qualitativa em Educação em Ciências**. São Paulo: Livraria da Física. 2017.

SUTTON, C. Los profesores de ciencias como profesores de lenguaje. **Enseñanza de las Ciencias**, Vigo (Espanha), UVIGO, v.21, n. 1, p. 21-25, 2003. Disponível em: <https://www.raco.cat/index.php/Ensenanza/article/download/21883/21717>.