

ANALISE QUANTITATIVA E QUALITATIVA DOS OBJETOS DE APRENDIZAGEM DIGITAL PARA O ENSINO DE BIOSSÍNTESES GENÉTICAS

Cláudio Antônio Ferreira de Melo¹
Luana Ferreira dos Santos²
Joana Telma Duarte Correia³

RESUMO

Utilizados como recursos pedagógicos por professores nas modalidades de ensino presencial, semi-presencial e a distância, os objetos de aprendizagem digital facilitam o processo de ensino e aprendizagem, principalmente relacionados a temas teoricamente complexos. Baseando-se nisso, o presente artigo objetivou realizar a avaliação qualitativa e quantitativa de objetos digitais de aprendizagem disponíveis na web que abordem os três processos principais de biossíntese genética: Replicação, Transcrição e Tradução. Esses processos de biossíntese são complexos, sendo que a utilização de objetos de aprendizagem digitais contribuem para o aprendizado significativo. Foram avaliadas videoaula e animações envolvendo os temas, indicando variações qualitativa e quantitativa em função do bioprocessos. Apesar do elevado número que objetos de aprendizagem digital sobre as biossíntheses genéticas, encontrar um objeto que atenda as necessidades específicas do professor não é uma tarefa simples, principalmente pelas variantes qualitativas em função da referências que estruturam cada assunto. De modo geral os achados mais relevantes sobre as biossíntheses genéticas são videoaulas e animações, descrevendo todos esses processos com variantes qualitativas, de linguagem, conceitos e abordagem pedagógica. O presente artigo também sintetiza os bioprocessos, fundamentando os aspectos teóricos necessários para a elaboração de objetos de aprendizagem digital que envolvam cada etapa de biossíntese genética.

Palavras-chave: Videoaula, Replicação de DNA, Transcrição de DNA, Tradução de RNA.

INTRODUÇÃO

Os objetos de aprendizagem digital são elementos virtuais utilizados como facilitadores do processo de ensino e aprendizagem com o uso do meio digital (WILEY, 2000). O termo objeto de aprendizagem abrange qualquer elemento utilizado pelo professor como apoio na abordagem de determinado tema ou assunto (HODGINS; 2000, 2002). Neste aspecto, além de possibilitarem o aprendizado, esses materiais digitais são destacados pelo seu uso atemporal, não desgaste e sua aplicação com o uso de qualquer recurso digital, seja computador, tablet ou smartphones. Adicionalmente, os objetos de aprendizagem digitais

1 Graduado (a) em Bacharelado em Ciências Biológicas, Discente do curso de Pós-graduação *lato sensu* em Tecnologias e Educação Aberta e Digital da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB) em convênio com a Universidade Aberta de Portugal, clausiomelo@gmail.com;

2 Mestranda do Curso de Genética e Biologia Molecular da Universidade Estadual de Santa Cruz luannaoliveirabiologia@gmail.com;

3 Docente da Universidade Aberta de Portugal em convênio com a UFRB,; Joana.Correia@uab.pt

também permitem a interatividade em um meio digital ou ambiente virtual de aprendizagem, contribuindo com a dinâmica social de um grupo ao longo dos estudos de determinado tema (BOYLE, 2010).

É importante realizar a distinção de objetos de informação com objetos de aprendizagem em seus conceitos amplos. O primeiro, geralmente não possui estrutura institucional, sendo ausentes as informações de desenvolvedor e o modo de como utilizá-lo. Já os objetos de aprendizado são bem estruturados, e podem ser considerados uma extensão dos objetos de informação. Contudo, deve-se compreender que muitos objetos de aprendizado digital são na realidade um conjunto ou composição de objetos de informação que facilitando o aprendizado pela sua dinâmica e fácil entendimento apensar da complexidade (METROS, BENNET, 2002). A complexidade e essencialidade do entendimento dos processos de biossínteses genéticas, como a replicação, transcrição e tradução, abordados em turmas da área de ciências biológicas, agrárias e saúde é uma problemática relevante ao ensino da genética molecular. Esses temas podem ter sua abordagem facilitada pela a inclusão de objetos de aprendizagem digital, que contribuem consideravelmente para o entendimento das relações moleculares, e evolução desses processos bioquímicos.

O extenso número de eventos que norteiam as biossíntese genéticas dificultam o planejamento e a elaboração de objetos de aprendizagem digital úteis na compreensão destes processos, principalmente pontuando os elementos básicos que em conformidade com a literatura disponível abordem os eventos necessários para o entendimento de cada bioprocessos. Devida complexidade das biossínteses genéticas, o ensino destes temas são desafiadores para o professor, o qual deve mediar o entendimento desses eventos visando o aprendizado global de cada processo (GRIFFITHS, 2002; LEWIN, 2009). Desta forma, no presente artigo é questionado se os objetos de aprendizagem digital disponíveis na web possuem variações quantitativas e qualitativas que auxiliem a seleção e aplicação destes para contribuir no entendimento das principais biossínteses genéticas (replicação de DNA, transcrição de DNA e tradução ou síntese de proteína)?

Pelo exposto, o objetivo geral deste artigo consiste em realizar o levantamento e a avaliação quantitativa e qualitativa dos objetos de aprendizagem digital disponíveis na rede mundial de computadores que possam ser aplicáveis ao entendimento das biossínteses genéticas. Os objetivos específicos consistem em: (i) Avaliar quantitativamente nas várias plataformas digitais de busca os objetos digitais de aprendizagem que envolvem os temas replicação de DNA, transcrição de DNA e tradução de RNA mensageiro. (ii) Avaliar qualitativamente os objetos digitais de aprendizagem disponíveis na web que envolvem os

três bioprocessos. (iii) Realizar a revisão e o aprofundamento teórico que facilitem o planejamento para compor objetos de aprendizagem digital visando o ensino destas biossínteses.

METODOLOGIA

Para a avaliação quantitativa foi realizada a busca por objetos de aprendizagem digital que envolveram os temas replicação de DNA, transcrição de DNA e tradução de RNA ou síntese de proteínas nas plataformas de busca online: Google e o site <https://rede.escoladigital.org.br/>. O número de respostas e sua relevância foram avaliados no software Excel 2003 com a exposição e avaliação estatística descritiva. Foram utilizadas as palavras chaves primárias: replicação, transcrição e tradução, em conjunto com as palavras chaves secundárias: objeto de aprendizagem, videoaula; Imagem, esquema, cartilha, mapa, etc.

Para a avaliação qualitativa foram analisados os principais objetos de aprendizagem digital encontrados na web e a sua intenção, complexidade e a veracidade das informações sobre os temas. Para isso foram definidos os conceitos e as abordagens teóricas necessárias para a compreensão dos bioprocessos. Adicionalmente, esse artigo também possui os principais elementos teóricos necessários com os passos necessários para a elaboração de objetos de aprendizagem digital que envolvam os temas replicação de DNA, transcrição de DNA e tradução de RNA. Nesta ocasião, o presente artigo também subsidia a produção de objetos de aprendizagem digital envolvendo esses três processos de biossíntese genéticas.

DESENVOLVIMENTO

Apesar do elevado número de objetos digitais de aprendizagem por bioprocessos disponíveis na web, encontrar um objeto digital de aprendizagem que atenda a necessidade do professor não é uma tarefa simples, principalmente pelas variações encontradas nestes recursos em relação a livros didáticos utilizados nas turmas de graduação e pós-graduação das áreas das ciências agrárias, biológicas e da saúde. De modo geral, os objetos digitais de aprendizagem são elementos que contribuem com a mediação da aprendizagem, utilizado pelo professor ao longo da condução de determinado assunto ou tema (WILEY, 2000).

O professor, possui o papel de mediador do conhecimento, fazendo uso dos objetos digitais de aprendizagem como um apoio a prática educacional. Neste sentido, a escolha do

(83) 3322.3222

contato@conedu.com.br

www.conedu.com.br

objeto digital de aprendizagem varia em função das necessidades exploratórias em sala de aula ou nos ambientes virtuais de aprendizagem (WILEY, 2000).

A identificação dos elementos e conceitos teóricos necessários para a elaboração de objetos de aprendizagem digital é uma ação complexa. Isso não apenas pela robustez do tema abordado, mas pela necessidade do conhecimento técnico, científico e pedagógico que devem ser incluídos em cada elemento, atendendo a excelência em qualidade para o aprendizado significativo (KRASILCHIK, 2016).

REPLICAÇÃO DO DNA

Para a produção de um objeto de aprendizagem digital com a finalidade de abordar o bioprocessamento replicação do DNA é necessário conceituar que o DNA é uma macromolécula com a propriedade de armazenar e transmitir a informação genética entre as gerações com elevada estabilidade, garantindo fidedignidade no fluxo da informação. No princípio deve ser indicado que o DNA é replicado na fase S da interfase do ciclo celular, utilizando ambas as fitas como molde para a biossíntese de duas novas moléculas e sua posterior segregação ao longo da mitose ou meiose. O DNA é a única macromolécula que necessita de um molde para a síntese de novas moléculas, havendo no final da replicação a formação de um filamento filho complementar ao filamento molde ou filamento mãe, indicando que a replicação do DNA é um evento semiconservativo. A replicação do DNA é iniciada em sítios específicos chamados origem de replicação (GRIFFITHS et al., 2002).

O início da replicação ocorre com a ativação da origem de replicação por enzimas do maquinário replicativo, formando duas forquilhas de replicação que seguem sentidos opostos em uma replicação bidirecional. Contudo, o sentido deste processo é único 5' --> 3' (GRIFFITHS et al., 2002).

A orientação da hidroxila 3' da pentose e do carbono 5' ligado a um grupamento fosfato são distintas graças a orientação antiparalela das fitas de DNA, implicando na síntese de um filamento filho contínuo no sentido da forquilha de replicação 5' --> 3' e de um filamento filho descontínuo no sentido oposto a forquilha de replicação. Apesar da biossíntese de um filamento descontínuo (retardado) e outro contínuo (líder), a replicação ocorre de modo síncrono na forquilha de replicação (LEWIN, 2009).

In vivo a replicação do DNA é um processo estritamente enzimático, com a atuação de diversas enzimas ao longo de praticamente todos os eventos necessários para essa biossíntese. Contudo, pode-se considerar que a principal enzima atuante na replicação são as DNAs

polimerases que alongam a cadeia de DNA pela adição de desoxirribonucleotídeos. De fato, as DNAs polimerases são enzimas dependentes de DNA, ou seja, usam um molde de DNA para a adição dos nucleotídeos por complementaridade, adicionando Adenina quando no filamento molde houver uma Timina (vice-versa); e uma Citocina quando no filamento molde houver uma Guanina (vice-versa) (LEWIN, 2009).

Diversas variações estruturais e funcionais das DNAs polimerases têm sido relatadas na literatura, como por exemplo, a função polimerase e não exonuclease em polimerases de organismos termófilos. Apesar das diversas DNAs polimerases terem sido descobertas em eucariotos, ao menos três DNA polimerases são necessárias para replicar um cromossomo nestes organismos (alfa, delta e épsilon). Já as DNAs polimerases Beta e Gama são responsáveis pelo reparo do DNA e a replicação do DNA mitocondrial, respectivamente (GRIFFITHS et al., 2002).

Apesar das DNAs polimerases atuarem ativamente na replicação pela inclusão de desoxirribonucleotídeo para o alongamento de um filamento filho. A mesma não é capaz de iniciar a replicação sozinha, pois é necessário um terminal 3'-OH livre para o início deste processo. Para isso uma enzima RNA polimerase DNA dependente ou primase sintetiza um oligonucleotídeo iniciador ou primer de RNA, incluindo ribonucleotídeos complementares a uma fração do filamento molde. A adição de um primer de RNA fornece o grupo 3' - OH necessário para a atuação das DNAs polimerases, iniciando assim a replicação e reparo pelas DNAs polimerases (GRIFFITHS et al., 2002).

As DNAs topoisomerases são enzimas essenciais a replicação do DNA, pois apesar de não atuarem na inclusão ou reparo de nucleotídeos são responsáveis por permitir o acesso físico das DNAs polimerases ao filamentos moldes. As helicases são uma classe de DNAs topoisomerases com a função de desenrolar a dupla fita de DNA (dsDNA) em dependência da hidrólise de nucleosídeos trifosfato, permitindo assim a formação da forquilha de replicação e a abertura da dupla hélice do DNA com a progressão da replicação. Em conjunto com as helicases estão atuantes as proteínas DnaB e as SSB (ligação ao DNA fita simples) que desenrola a dupla hélice e estabiliza o DNA fita simples (LEWIN, 2009).

TRANSCRIÇÃO DO DNA

O processo de biossíntese de RNA é denominado transcrição, a qual é diferente da replicação, por ser uma biossíntese seletiva, pois apenas genes ou segmentos gênicos são

transcritos a partir de uma única fita molde. Esse evento é unidirecional com polaridade em direção a síntese semelhante a replicação (5' --> 3') (SNUSTAD; SIMMONS, 2008).

A transcrição ocorre no nucleóide de procariontes, no núcleo de eucariontes ou em organelas com material genético independente (mitocôndrias e plastídios). Em procariontes, adicionalmente, os plasmídios também possuem informações genética transcrita. Já em vírus não há atividade transcricional, sendo esse evento exclusivamente dependente do maquinário transcricional das células hospedeiras (SNUSTAD; SIMMONS, 2008).

A transcrição é sumariamente subdividida em três etapas: inicialização, alongamento e finalização. Cada etapa possui processos moleculares particulares e que variam em relação a complexidade bioquímica e genômica estrutural dos organismos. Entretanto, independente da complexidade orgânica a transcrição é em grande parte conduzida por uma enzima RNA polimerase DNA dependente (LEWIN, 2009).

De modo geral, as RNAs polimerases são holoenzimas dotadas de ao menos seis domínios funcionais. As mesmas possuem atividade polimerases, adicionando ribonucleotídeos a extremidade 3'- hidroxila alongando a cadeia de RNA. Diferentemente de muitas das DNAs polimerases, as RNAs polimerases não possuem atividade exonuclease, sendo incapazes de realizar o reparo de nucleotídeos erroneamente adicionados. Contudo, a dependência de dois íons de Mg²⁺ e a necessidade de quatro ribonucleotídeos trifosfato torna o seu funcionamento semelhante as DNAs polimerases, pelo uso da hidroxila 3' como nucleófilo para a formação de ligações fosfato e liberação de pirofosfato (SNUSTAD; SIMMONS, 2008).

Diferentemente da replicação do DNA, o início da transcrição não requer um iniciador, iniciando em sítios específicos chamados promotores. A RNA polimerase possui afinidade pelas regiões promotoras, cuja ligação inicia a transcrição. Entretanto, essa ligação depende de fatores moleculares específicos que sinalizam e controlam a expressão gênica, principalmente em genes não constitutivos cujos níveis de transcritos são variáveis e específicos a cada função celular (LEWIN, 2009).

Em princípio a subunidade alfa liga-se ao promotor formando um complexo de transcrição fechado (dupla hélice) que posteriormente desenrola-se em um complexo de transcrição aberto (formação inicial de fitas simples) de inicialização pela adição de poucos ribonucleotídeos. O distanciamento do complexo de transcrição do promotor é caracterizado pela dissociação do domínio alfa e a substituição deste sítio por uma enzima NusA prosseguindo com o alongamento da cadeia ribonucleotídica. A transcrição prossegue com a formação contínua de um trecho híbrido DNA-RNA com cerca de 8 pares de bases que logo é

dissociado individualizando a molécula de RNA do DNA em uma processividade de 50 a 90 ribonucleotídeos por segundo. As topoisomerasas são enzimas que resolvem os problemas topológicos a medida que ocorrem os superenrolamentos gerados pela abertura da dupla hélice de DNA (GRIFFITHS et al., 2002).

Os organismos procarióticos possuem genoma simplificado, com poucos genes e quase ausência de DNA espaçador intergênico. Adicionalmente, neste grupo, a transcrição envolve, em alguns casos, a formação de um RNA policistrônico que é traduzido em múltiplas proteínas relacionadas a uma rota metabólica ou catabólica em comum. Por outro lado, nos eucariontes as sequências gênicas com informação traducional (éxons) são intercaladas pela presença que DNA espaçador (íntrons). Essas diferenças genômicas estruturais são importantes, pois em ambas classes de organismos a transcrição em envolve a produção de RNAs primários que devem passar por alterações estruturais em um processamento (GRIFFITHS et al., 2002).

Tanto os procariontes como os eucariontes produzem RNAs primários que necessitam de processamento para a sua correta função, estabilidade e endereçamento. Contudo, nos RNAs mensageiros de eucariotos o processamento vai além da simples remodelagem estrutural e alterações em bases. Nesses organismos o RNAm passar por splicing de íntrons que os removem, ligando os éxons para a formação de uma molécula com informação codificante. Nos eucariotos o RNAm também recebe uma capa na extremidade 5' e uma cauda poliadenilada com 80 - 250 resíduos de adeninas na extremidade 3'. Essas duas alterações estruturais estão relacionadas a estabilidade do RNAm e ao seu tempo de vida útil celular (LEWIN, 2009).

TRADUÇÃO DE RNA

As proteínas representam uma grande porção do conteúdo celular, estando também presente na matriz extracelular e fluídos corpóreos. Essas macromoléculas são responsáveis por inúmeras atividades do metabolismo, catabolismo, estruturação, sinalização e reconhecimento celular, sendo sintetizadas e endereçadas por mecanismos moleculares complexos. As proteínas são o resultado final do fluxo da informação genética que segue o dogma central da biologia molecular (DNA -> RNA -> Proteína), sendo um evento RNA dependente para a produção de uma cadeia polipeptídica por meio da tradução. A princípio acreditava-se que um gene codificava uma proteínas, porém apenas um fração dos genes possui como produto final é uma cadeia polipeptídica (SNUSTAD; SIMMONS, 2008).

A síntese de proteína é baseada no código genético contido em RNAs mensageiros dotados de códons que servem de matriz de leitura para a adição de aminoácidos em uma cadeia polipeptídica. Ao menos três descobertas favoreceram o entendimento da transcrição que, de modo geral, é similar entre procariotos e eucariotos, sendo assim um evento evolutivamente conservado. A princípio a descoberta do sítio de transcrição pela observação da formação de polipeptídios associados a ribossomos. Posteriormente a elucidação do código genético e em seguida do funcionamento ribossômico e a mobilização de RNAs transportadores carregados (SNUSTAD; SIMMONS, 2008).

Os ribossomos são as estruturas/organelas responsáveis pela síntese de proteína. Apesar das similaridades funcionais e da existência de duas subunidades ribossomais distintas nos procariotos e eucariotos para a realização da tradução, as variações estruturais nestas organelas são consideráveis entre esses dois grupos de organismos. Adicionalmente, as subunidades possuem proteínas e enzimas específicas que servem para estruturação destas subunidades e para a condução da tradução (SNUSTAD; SIMMONS, 2008).

Na tradução a leitura dos códons é realizada com base nos anticódons dos aminoacil-RNA transportadores (aminoacil-RNAt) carregados um dos 20 aminoácidos e sua inserção em uma cadeia polipeptídica presa a um peptidil-RNA transportador (peptidil-RNAt). O carregamento de cada aminoácido em seu respectivo RNAt para a formação do aminoacil-RNAt é realizada por uma classe de enzimas chamadas aminoacil sintetases, que mobiliza o aminoácido correspondente a sequência 3' do RNAt em uma reação dependente de ATP (adenosina trifosfato). As variações nos anticódon dentre os diferentes RNAt são necessárias para a mobilização e incorporação dos aminoácidos correspondentes ao código genético, sendo esse universal e válido para todos os organismos (GRIFFITHS et al., 2002).

A síntese de proteína, assim como a biossíntese in vivo de DNA e RNA, pode ser subdividida em três fases: Iniciação, alongamento e terminação. Cada fase exige moléculas e estruturas específicas, que atuam de modo sinérgico para a produção da cadeia polipeptídica. Todas essas etapas possuem distinções em relação ao nível organizacional e a complexidade bioquímica observada entre procariotos e eucariotos (GRIFFITHS et al., 2002).

Uma vez ambas as subunidades ribossômicas completas ocorre o alongamento da cadeia polipeptídica, para a mobilização do N-formil-metionil-RNAt, RNAt com um aminoácido metionina formilada. Contudo, esse aminoácido nem sempre é necessário para a inicialização, bastando uma metionina para esse processo. A adição do aminoácido inicializador ocorre no sítio ribossômico A pela leitura do códon AUG (GUG ou UUG em algumas bactérias). O N-formil-metionil-RNAt passa a ser constituinte inicial de todas as

cadeias polipeptídicas, embora em algumas proteínas a metionina inicializadora é removida pela enzima aminopeptidase. Já em bactérias e organelas com conteúdo genético as proteínas finais têm o grupamento formil removido pela desformilase (LEWIN, 2009).

O alongamento da cadeia polipeptídica é iniciado desde que o primeiro aminoacil-RNAt é adicionado ao sítio A. A ligação peptídica é realizada pela enzima peptidil-transferase e a interação desta com a subunidade ribossômica maior formando um peptidil-RNAt no sítio A e em seguida um RNAt desprovido de aminoácido (RNAt desacetilado) para o sítio P. Os RNAs desatrelados passam do sítio P para o sítio E, liberados para o citosol. O peptidil-RNAt têm o sítio P como repouso, enquanto que o sítio A promove a formação da ligação peptídica, e o sítio E a liberação do RNAt desacetilado, sendo esse fluxo necessário para a extensão da cadeia polipeptídica (LEWIN, 2009).

A fase de terminação é caracterizada quando o último aminoácido da cadeia polipeptídica é adicionado e a posterior leitura de um dos três códons de término (UAA, UAG e UGA). Nos procariotos a leitura de uma destas trinca de base no sítio A mobiliza os três fatores de terminação. Essas proteínas atuam na hidrólise da ligação peptidil-RNAt ausente no sítio P, a liberação da ligação peptidil-RNAt terminal, e a dissociação das duas subunidade ribossômicas (LEWIN, 2009).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

ANÁLISE QUANTITATIVA

A análise quantitativa na plataforma Google indicou a existência de 3,400, 5,050 e 16,100 resultados com o uso das palavras chaves de busca objeto digital de aprendizagem e os bioprocessos variantes "replicação de DNA", "transcrição de DNA" e "síntese de proteína", respectivamente. A mesma pesquisa realizada no site rede.escoladigital.org.br não indicou resultados substanciais em termos qualitativos, com menos de três achados por bioprocessos e apenas um tipo de objeto digital de aprendizagem. Esses resultados variam em função a sua natureza literária, consistindo de artigos científicos, blogs, páginas com atividade e ilustrações indicando alguns eventos ocorrentes nestes processos de biossíntese.

O ensino dos processos de biossínteses genéticas são apoiados pela inclusão de objetos digitais de aprendizagem que dão suporte ao processos visando mediar esses temas nas modalidades de ensino presencial, semi-presencial e a distância (MACHADO; FRAIHA-MARTINS, 2017). Neste âmbito, os principais objetos digitais de aprendizagem que são

explorados para essa finalidade são vídeoaulas e animações que contenham os elementos primários e principais necessários para o ensino de cada bioprocessos.

Na presente estudo foi utilizado o principal sistema de busca de informações disponíveis na web, o Google, para a pesquisa de objetos digitais de aprendizagem. Adicionalmente, o site rede.escoladigital.org.br também foi utilizado para essa finalidade. A tabela 1 elenca o número de resultados com base na busca de objetos digitais de aprendizagem (Videoaula e Animações) que abordem os três processos de biossíntese genética. Não foram obtidos resultados relevantes para a localização de jogos digitais que envolvam os bioprocessos estudados. O número resultados para imagens e ilustrações encontradas foi superior aos 10,000, isso para todos os processos de biossíntese.

Tabela 1. Número de respostas obtidas com o uso das palavras chaves tipo de objeto digital de aprendizagem e o respectivo processo de biossíntese genético.

<i>Replicação</i>		
Tipo	Google	rede.escoladigital.org.br
Videoaula	5,570	1
Animações	1,400	2
<i>Transcrição</i>		
Tipo	Google	rede.escoladigital.org.br
Videoaula	15,200	0
Animações	5,460	2
<i>Tradução</i>		
Tipo	Google	rede.escoladigital.org.br
Videoaula	23,800	0
Animações	8,190	2

ANÁLISE QUALITATIVA

A análise qualitativa dos objetos de aprendizagem digital mais acessados com base nos resultados das buscas realizadas nas plataformas Google e no rede.escoladigital.org.br indicou grande variação tanto na qualidade dos recursos como no modo de abordagem pedagógica. Um exemplo, são nas variações conceituais exploradas entre as videoaula e a ausência de etapas importantes em alguns bioprocessos nas animações. Contudo, as principais enzimas envolvidas em todas as três biossíntese são abordadas: DNA e RNA polimerase, juntamente com os sítios ribossômicos para a síntese protéica. As variações qualitativas nos objetos digitais de aprendizagem também podem ser explorada pelo professor, com o intuito de melhor atender ao perfil do aluno e/ou da turma, permitindo a abordagem em diversos

estilos de aprendizagem ou que contemplem o tempo disponível em aula e as semelhanças conceituais em livros (KRASILCHIK, 2016).

De modo geral, as videoaulas sobre os temas relacionados com as biossínteses genéticas são expostas em português, facilitando o acesso e o aprendizado por estudantes brasileiros. Contudo, a maior porção nas animações são expostas com legenda ou narrativa de língua inglesa. Esse fato, exige do professor o uso deste recurso com a colaboração da tradução da narrativa ou no texto apresentado juntamente com as animações, fato de dificulta a indicação destes objetos digitais de aprendizagem na modalidade a distância, onde a tradução simultânea é inviabilizada.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os objetos de aprendizagem digital disponíveis na web sobre as biossínteses genéticas variam em função do tipo e dos aspectos teóricos e conceituais, indicando variabilidade qualitativa ao longo do processo de planejamento e produção dos objetos digitais de aprendizagem. Contudo, apesar do grande volume de objetos de aprendizagem digital disponível em algumas plataformas de pesquisa, encontra em muitos casos o objeto de aprendizagem digital que atenda as necessidades docente é dificultada pelas variações qualitativas em comparação com as abordagem teóricas de muitas referências. Isso também ocorre pela ausência de informações sobre os aspectos exploratórios e pedagógicos para a utilização destes objetos digitais de aprendizagem. Até o momento, a plataforma Google ainda é o melhor portal de busca para esses recursos de apoio didático que envolvam os temas replicação e transcrição de DNA e síntese de proteínas, pois além de indicarem diversas fontes de conteúdo, também sugerem as respostas mais relevantes em termos de acesso. Apesar do portal rede.escoladigital.org.br ser considerado uma excelente campo de busca de informações pedagógicas de temas diversos para o apoio didático a professores, os temas relacionados a biossínteses genéticas ainda não são explorados de modo significativo pelo portal. Porém a relevância dos temas aos ciclos básicos das ciências biológicas, agrárias e de saúde indicam maior atenção a esses temas de grande relevância.

É importante salientar que a produção de objetos digital de aprendizagem é uma ação complexa, que em muitos casos requer profissionais de diversas áreas, tornando o processo laborioso e com custo elevado. Porém, a sua elevada capacidade de contribuir com o processo de ensino e aprendizagem justifica a sua elaboração e utilização nas modalidades de ensino presenciais, semi-presenciais e a distância. Adicionalmente, devida complexidade dos

processos de biossíntese de DNA, RNA e proteína, a elaboração de objetos de aprendizagem digital envolvendo esses temas deve ser incentivada, relacionando a teoria com a aplicação e utilização dos conceitos e dos recursos explorados.

REFERÊNCIAS

BOYLE, T. Layered learning design: towards an integration of learning design and learning object perspectives. **Computers & Education**, v. 54, p. 661-668, 2010.

GRIFFITHS, A.J.F. et al. **Introdução à Genética**. 7ª edição. Rio de Janeiro: Ed. Guanabara Koogan, 2002.

HODGINS, H. W. **The future of learning objects**. In: WILEY, D. A. (Ed.). The instructional use of learning objects: online version. 2000.

HODGINS, H. W. The future of learning objects. e-Technologies in Engineering Education: learning outcomes providing future possibilities. In: LOHMANN, J.; CORRADINI, M. (Eds.). **ECI Symposium Series**. v. P01, 2002. p. 76-82.

LEWIN, B. **GENES IX**. 9ª Edição. Artmed Editora S.A., 2009. pp. 893.

MACHADO, C.R.S.; FRAIHA-MARTINS, F. **Síntese de Proteínas: significados produzidos por meio do ensino utilizando tecnologias digitais e metodologia ativa**. XI Encontro Nacional de Pesquisa em Educação em Ciências – XI ENPEC. 2017.

METROS, S.; BENNET, K. Learning Objects in Higher Education. **EDUCAUSE**, v. 2002, n. 19, out. 2002. p. 1-10.

SNUSTAD, D. P.; SIMMONS, M. J. **Fundamentos de Genética**. 4ª. ed. Rio de Janeiro: Guanabara. Koogan, 2008.

KRASILCHIK, M. **Prática de ensino de biologia**. 4ª ed. São Paulo: Editora da Universidade de São Paulo, 2016.

WILEY, D. A. **Learning Object Design and Sequencing Theory**. Thesis (Philosophy Course), Department Of Instructional Psychology And Technology, Brigham Young University, Provo, Utah, USA, 2000.