

A Utilização de uma ferramenta de Bioinformática (OLATCG) para o ensino de Genética no ensino médio

The usage of a Bioinformatics tool (OLATCG) to Genetics Teaching on Secondary Education

Anna Carolina de Oliveira Mendes

Fundação Osório, Rio de Janeiro, RJ
mendes.anna.c@gmail.com

Érica Cavalcanti de Albuquerque Dell Asem

Fundação Osorio, Rio de Janeiro, RJ
erica.ase@gmail.com

Georgianna Silva dos Santos

UNIVASF, São Raimundo Nonato, PI
georgiannas@gmail.com

Maria de Fátima Alves de Oliveira

Fundação Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, RJ
bio_alves@yahoo.com.br

Resumo

Os crescentes avanços na área da Genética, bem como a ampla divulgação de seus termos na mídia, colocam a escola em um papel central para oportunizar aos alunos o entendimento dessas novas informações. Diante dessa perspectiva, o objetivo desse estudo foi apresentar a alunos de ensino médio uma plataforma de Bioinformática, para alicerçar uma prática de ensino por investigação em aulas de Genética, dentro do componente curricular de Biologia. Para tal, elaboramos uma estratégia didática com procedimentos experimentais *in silico* e aplicamos com estudantes de uma escola pública federal localizada na cidade do Rio de Janeiro. O grupo analisado respondeu a questão-problema proposta, porém encontrou dificuldades no estabelecimento de relações entre a Ciência e o seu cotidiano. No entanto, o grupo classificou enquanto positiva a experiência, associando a redução das abstrações observadas no ensino de Genética Molecular.

Palavras-chave: Bioinformática, ensino de Genética, ensino de Biologia, OLATCG.

Abstract

The growing advancements in Genetics, as well as the wide dissemination of its terms in mainstream media put school in the spotlight to allow students to understand such new information. From this standpoint, this study aimed at presenting a bioinformatics platform to secondary students in order to provide a basis for an inquiry-learning practice in Genetics class, as part of the Brazilian Biology Curriculum. To that matter, we have proposed a teaching strategy with *in silico* experimental procedures and applied them to students from a federal state school located in Rio de Janeiro city. The analysed group was able to answer to a problem question, despite struggling to establish correlation between science and their everyday lives. Notwithstanding, the group stated as valid the experience, with students being able to refer to less abstraction observed in Molecular Genetics teaching.

Keywords: Bioinformatics, Genetics teaching, Biology teaching, OLATCG

INTRODUÇÃO

A Genética é a área das Ciências Biológicas que estuda os genes em sua estrutura e função (PIERCE, 2012), bem como de que forma se dá a transmissão das características dos organismos vivos, sejam elas morfológicas, fisiológicas e/ou bioquímicas entre as diferentes gerações. No momento histórico, desde o início da pandemia de Covid-19, a Genética e seus termos vêm sendo disseminados por diferentes canais de comunicação numa crescente exponencial, seja para informar da rapidez com que o genoma do SARS-CoV-2 fora sequenciado em fevereiro de 2020, seja no debate sobre os tipos de vacinas contra o referido vírus, sequenciamento viral, novas variantes e possibilidades de tratamento. Tudo isso tornou-se notícia nos meios de telecomunicação do Brasil.

Apesar disso, o entendimento de tal gama de informações que chega a todo momento para a população depende de conhecimento básico de Genética. É no presente contexto que está inserida a escola e o ensino de Genética que possibilita uma mediação desse processo de aprendizagem.

A Genética perpassa temas atuais e de relevância, como transgênicos, terapia gênica, teste de paternidade, genética forense, entre outros e por isso desperta a atenção dos alunos ao longo das aulas. Todavia, a não transposição didática, bem como a falta de contextualização e a adoção de diferentes modelos de estratégias didáticas resultam em desinteresse dos alunos. Isto leva a classificar a Genética como um dos componentes curriculares a apresentar baixos índices de aprendizagem (TEMP, 2018; LEAL; MEIRELLES; ROÇAS, 2019).

A vinculação dos conteúdos aprendidos nas aulas de Biologia – entre eles a Genética – com o dia a dia dos estudantes contribui para a significação dos conceitos. Conforme retrata Krasilchik (2004, p.57), quanto maior o número de exemplos esses alunos conseguirem acessar, maior será a chance de eles construírem associações e analogias, contextualizando o aprendizado do conteúdo com suas experiências pessoais. Com lastro nessa vertente que foi elaborada a Base Nacional Comum Curricular (BNCC, 2017) na área de Ciências da Natureza e suas Tecnologias (CNT). A implementação da BNCC, que vem ocorrendo nos últimos anos, aponta como objetivo o estabelecimento de competências e habilidades pelos docentes em cada conteúdo trabalhado.

Outro ponto levantado pela BNCC na área de CNT é a adoção de um modelo de ensino de Ciências que aproxime os alunos dos processos e procedimentos da Investigação Científica (BNCC, 2017). Nessa perspectiva, a utilização de Ensino por Investigação (EI) é uma das possibilidades de trabalhar os conteúdos de Genética e Biologia Molecular.

ABORDAGEM INVESTIGATIVA ALINHADA A BIOINFORMÁTICA

O Ensino de Ciências por Investigação (EnCI) é muitas vezes confundido como uma estratégia didática. Contudo, ele transcende essa definição. Pode-se dizer que o EnCI é uma abordagem didática, ou mesmo uma perspectiva de ensino (SASSERON, 2015; SOLINO 2017) que tenciona oportunizar aos alunos uma aprendizagem embasada em atividades que abarquem características de investigação a permitir aos alunos tanto manipularem esses materiais como também amadurecerem o pensamento científico (SASSERON, 2015).

Nesse ponto de vista, a Bioinformática desponta como uma possibilidade de o aluno trabalhar com o EI mediante a proposição de problemas de investigação, pelos docentes ou por eles mesmos, e que lhes estimulem a busca por soluções (MOTA, 2018). Com relatos descritos desde o final da década de 60, o termo “Bioinformática”, de acordo com Hagen (2000), era utilizado para referir-se à combinação entre computação, tecnologia e Biologia Molecular. Logo, pode ser entendida como um campo que busca investigar e desenvolver sistemas que proporcionem uma melhor compreensão do fluxo de informações desde os genes até estruturas moleculares (ATTWOOD *et. al*, 2019).

Enquanto ferramenta didática, a Bioinformática pode auxiliar docentes no trabalho com temas de Genética, reduzindo o nível de abstrações. Diante de tais constatações, o objetivo do presente trabalho foi apresentar a alunos de ensino médio uma plataforma de Bioinformática, a OLATCG^{1,2} – nome dado por uma menção às bases nitrogenadas do DNA, além de ter uma pronúncia fácil e ser convidativo para os alunos – para alicerçar uma prática de ensino por investigação em aulas de Genética, dentro do componente curricular de Biologia.

PROCEDIMENTOS METODOLÓGICOS

Este estudo, parte integrante da tese de doutorado da primeira autora, sob orientação da última, foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa da Fundação Oswaldo Cruz e protocolado com a identificação do Certificado de Apresentação de Apreciação Ética (CAAE): 29017320.0.0000.5248, número do parecer: 3.970.858. Constitui um trabalho de caráter descritivo com abordagem qualitativa. O contexto do estudo fora uma escola pública federal localizada na cidade do Rio de Janeiro. A pesquisa com abordagem qualitativa visa a produção de conhecimento ou a concepção de uma teoria sobre a realidade educativa (MASSONI & MOREIRA, 2017, p.126). Outrossim, investigações com esse tipo de abordagem denotam uma flexibilidade no que tange à construção e à modificação de hipóteses. Portanto, procuram

¹ <https://olatcg.herokuapp.com/>

² <https://github.com/LuizMVB/olatcg>

compreender as nuances que acontecem nos processos comunicativos, comportamentais e das relações sociais que ocorram na realidade da educação.

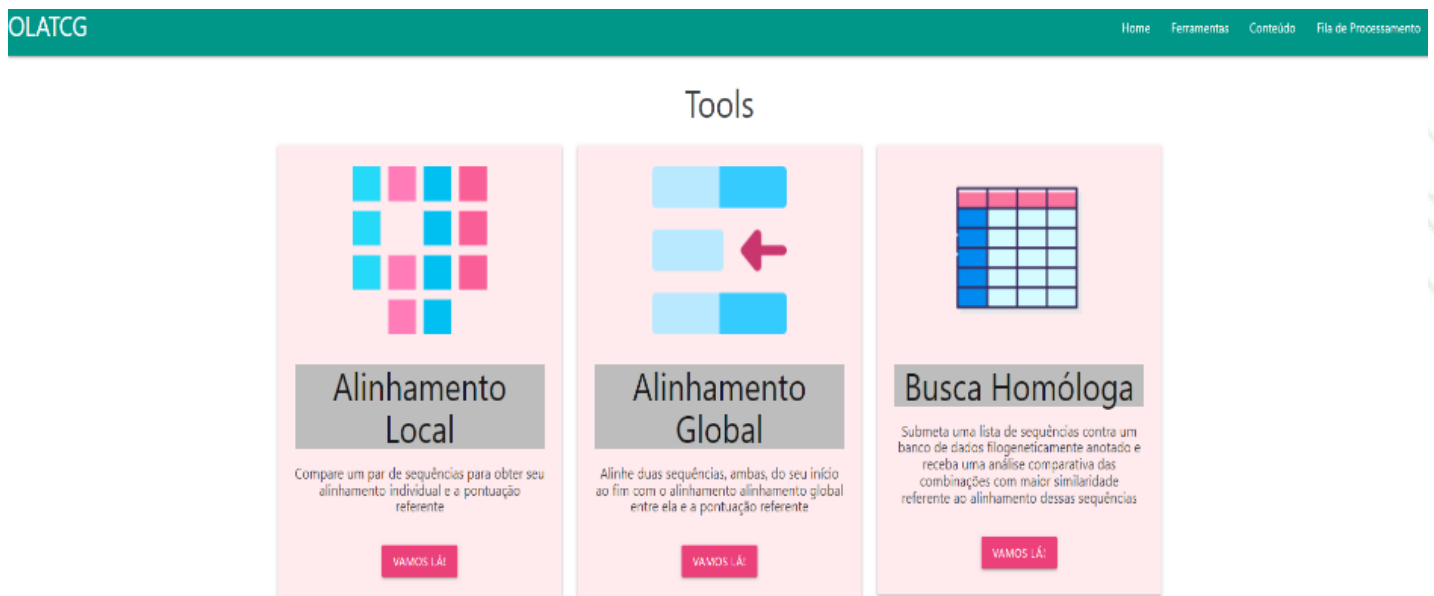
PLATAFORMA OLATCG

OLATCG foi uma plataforma criada para alicerçar estratégias didáticas que envolvam a utilização da Bioinformática na sala de aula. A elaboração da plataforma até seu estado atual, contou com a contribuição de pesquisadores, docentes e estudantes do Ensino Médio como forma de validar a ferramenta. As sugestões foram discutidas em conjunto como forma de aprimorar e torná-lo mais próximo do público-alvo. Seu objetivo inicial é apresentar conceitos de Bioinformática a alunos do Ensino Médio e proporcionar a eles capacidade analítica e conhecimentos suficientes para resolução e/ou interpretação das questões-problema utilizadas na pesquisa da tese de doutorado que a originou, bem como situações relativas à área, trabalhadas em um escopo educacional.

A OLATCG possui uma página inicial de apresentação das principais abordagens utilizadas no aprendizado. Nessa tela é possível navegar para uma tela de conteúdos escritos em que se observa uma breve introdução à Bioinformática com textos curtos e objetivos para o melhor entendimento do aluno. Seguido de conceitos-chave para a aprendizagem durante as interações e/ou para a tela de ferramentas, onde é apresentada uma série de *cards* com um breve resumo da ferramenta, há também um ícone que, ao ser clicado, redireciona o usuário para a tela da ferramenta em si. Outrossim, por meio da página inicial é possível acessar a Fila de Processamento, local onde localizam-se todos os resultados das interações com as ferramentas realizadas pelos alunos. As telas citadas acima podem ser acessadas via barra de navegação.

A figura 1 apresenta a tela de ferramentas, onde os estudantes/usuários podem escolher qual ferramenta irão utilizar para fazer suas análises. Em cada uma, pode ser observado uma breve explicação sobre o objetivo de cada uma.

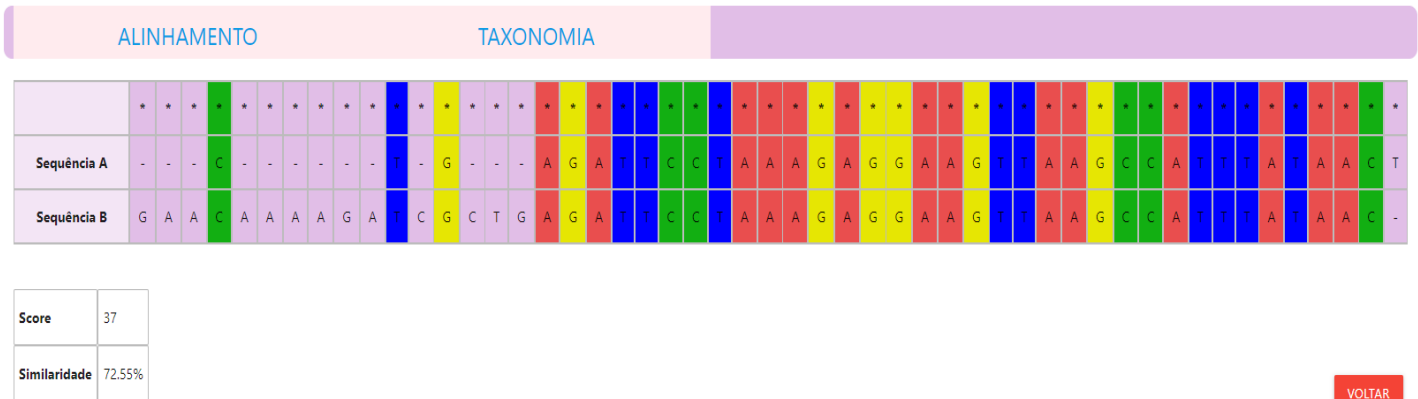
Figura 1: Opções de trabalho dentro do OLATCG.



Fonte: Dados da pesquisa.

Ao realizar as análises, o estudante/usuário recebe um número de identificação (ID) e pode, com ele, acessar, na fila de processamento, o referido resultado. Caso o resultado seja o de um alinhamento (figura 2), as bases nitrogenadas aparecem coloridas a fim de facilitar a visualização dos *matches* e *mismatches*. O modelo utilizado segue o padrão do Mega®³.

Figura 2: Visualização da tela de resultados de alinhamento do OLATCG.



Fonte: Dados da pesquisa.

Caso a análise realizada tenha sido a de uma busca homóloga, os resultados retornarão uma tabela a qual é possível observar as sequências alinhadas, a respectiva similaridade, taxonomia e dados de origem da mesma, assim como o link de acesso da mesma no site do *National Center for Biotechnology Information* (NCBI). Com base nesses dados, gera-se a árvore filogenética.

ESTRATÉGIA DIDÁTICA

A validação da estratégia didática foi desenvolvida em doze encontros (quadro 1), e estruturada nos moldes do EI. Desses, oito foram utilizados para o desenvolvimento da prática, dois para retirada de dúvidas pelos alunos caso eles houvessem apresentado dificuldades com alguns dos softwares necessários para a realização das análises da sua questão-problema, e os dois encontros finais para a apresentação, por parte dos alunos, do caminho metodológico escolhido por eles para responder às questões-problema apresentadas.

A atividade foi desenvolvida com nove alunas de uma escola pública federal e, desde o primeiro encontro, elas foram divididas em grupos de três alunas cada (Grupos I, II e III) utilizando como base o referencial da Aprendizagem Colaborativa com Suporte Computacional (CSCL), sigla traduzida do inglês “*Computer-Supported Collaborative Learning*”, um ramo emergente da ciência da aprendizagem que estuda como as pessoas podem aprender em grupo com a ajuda

³ Mega® – *Molecular Evolutionary Genetics Analysis* – é um software projetado para análise comparativa de sequências de genes homólogos de famílias multigênicas ou de diferentes espécies, com destaque para a inferência de relações evolutivas e padrões de DNA e evolução de proteínas (KUMAR *et al.*, 2008).

de um computador (STAHL, 2015). Cabe ressaltar que, por razões editoriais relacionadas ao limite de páginas, somente exibir-se-ão as análises referentes à apresentação do grupo II.

As alunas foram convidadas a avaliar a estratégia com foco na exequibilidade, usabilidade e amigabilidade do OLATCG e das outras ferramentas apresentadas ao longo do desenvolvimento da estratégia, bem como na interpretação e entendimento dos comandos das questões-problema envolvidas e, se a utilização dessa estratégia auxiliaria no aprendizado de Genética.

Quadro 1: Estruturação da Estratégia Didática.

ETAPA	ATIVIDADE	NÚMERO DE AULAS (50 MINUTOS CADA)
1	Parte Teórica: Histórico de conceitos de Biologia Molecular (DNA, RNA, Transcrição, Tradução e PGH) & Introdução à Bioinformática. Parte Prática: Ferramenta de identificação de Start/Stop códon (ORFfinder) & Ferramenta de análise estrutural de proteínas (Swiss model).	2
2	Parte Teórica: Mutação e seus diversos tipos & alinhamento de sequências. Parte Prática: Ferramenta- OLATCG .	2
3	Parte Teórica: Filogenia Molecular rápida e prática, apresentação de diferentes bancos de dados de sequência com foco no GenBank (NCBI) & busca por homologia; Parte Prática: Entregar as sequências a serem trabalhadas e tempo para a exploração das ferramentas apresentadas. Ferramenta: NCBI & OLATCG .	2
4	Parte Prática: Árvores Filogenéticas Ferramenta: OLATCG .	2
5	Aulas de Dúvidas: Momento reservado para os alunos tirarem dúvidas sobre o funcionamento dos softwares que implicassem no desenvolvimento da pesquisa	2
6	Apresentação dos resultados e das respostas das questões-problema apresentadas.	2

Ao longo ou após a sequência de aulas descrita no quadro 1, as alunas, juntamente com seus grupos, intentavam resolver suas respectivas questões-problema. Essas foram entregues no primeiro dia de desenvolvimento da estratégia didática. Cada uma das questões foi pensada de uma forma que proporcionasse debates entre os grupos ao longo das pesquisas e delineamento metodológico da resolução da mesma. A questão-problema a ser apresentada neste estudo foi realizada pelo grupo II e recebeu o título: “**Similares ou nem tanto?**”, apresentamos parte dela a seguir:

Nos últimos anos os avanços tecnológicos na área Científica têm contribuído substancialmente dentro da pesquisa, e isso ficou claro para a população durante todo o ano de 2020, bem como agora em 2021 com a luta contra a pandemia de Sars-Cov2. As técnicas moleculares vêm sendo apresentadas e explicadas à população de forma geral. Dentre as técnicas moleculares de suma importância durante a pandemia está a manipulação de sequências, que nos permite lidar com genomas inteiros, oportunizando a realização de análises de indivíduos ou populações nos aproximando da compreensão dos organismos e sua complexidade biológica.

O alinhamento de sequências consiste no processo de comparar duas sequências (de nucleotídeos ou proteínas) de forma a observar seu nível de identidade. Ele é possível mediante a utilização de ferramentas de Bioinformática, e com ele é possível traçar a história evolutiva de um conjunto de organismos, assim como, construir redes de interação de um organismo, tecido ou tipo celular.

Durante a pandemia iniciada no final de 2019, tendo seu primeiro caso no Brasil em 2020, muito foi especulado e questionado sobre como um vírus, transpassou os limites entre as espécies para conseguir infectar seres humanos de uma forma tão eficiente. O alinhamento possibilitou a demonstração de algumas evidências científicas sobre possibilidades de origens do Sars-Cov2 e fomentou um melhor entendimento sobre os eventos zoonóticos, o que acaba contribuindo para auxiliar na prevenção de novos eventos.

Com base nessas informações, supondo que você, aluno (a) do 6º. Período do curso de Ciências Biológicas – modalidade Genética, na Universidade Federal do Rio de Janeiro, após cursar a disciplina de Bioinformática, foi convidado a integrar um grupo de estudos de Biologia Molecular no Laboratório de Vírus Respiratório da Fundação Oswaldo Cruz (referência na realização de testes de todo o Estado do Rio de Janeiro), devido a necessidade de maior “mão de obra” pela alta demanda de dados gerados na pandemia e muitas amostras sendo analisadas.

Como uma das primeiras tarefas, você recebeu uma tabela contendo algumas sequências, de amostras testadas no laboratório. Você deve descobrir o grau de similaridade entre elas, importante para que se possa inferir (ou não) a uma delas, propriedade já conhecida da outra. O alinhamento entre elas pode ser feito de forma local ou global, você fará a melhor escolha com base nas análises feita por vocês. E após o alinhamento, verificar se houve modificações locais nesses nucleotídeos. Após a realização das tarefas solicitadas, monte um relatório para seu supervisor do grupo de estudos para apresentar suas análises. Lembre-se que sua participação é de suma importância na análise das amostras do Estado do Rio de Janeiro.

Quadro 2: Fragmentos de Sequências genéticas disponibilizadas para o grupo II.

ID	Sequência
0	ACCAACCAACTTTCGATCTCTTGTAGATCTGTTCTCTAAACGAACTTTAAAATCTGTGTGGCTGTCACCTCG
1	ACCTTCCCAGGTAACAAACCAACCAACTTTCGATCTCTTGTAGATCTGTTCTCTAAACGAACTTTAAAATC
2	ATTAAAGTTTTATACCTTCCCAGGTAACAAACCAACCAACTTTCGATCTCTTGTAGATCTGTTCTCTAAAC
3	GGTTTACCTTCCCAGGTAACAAACCAACCAACTTTCGATCTCTTGTAGATCTGTTCTCTAAACGAACTTT
4	CAAGATGATAAGAAAATCAAAGCTTGTGTTGAAGAAGTTACAACAACCTCTGGAAGAAAATAAGTTCCTCACAGAAAACCT
5	TGGTTGTTAATGCAGCCAATGTTTACCTTAAACATGGAGGAGGTGTTGCAGGAGCCTTAAATAAGGCTACTAACAATGCC
6	GAACAAAAGATCGCTGAGATTCCTAAAGAGGAAGTTAAGCCATTTATAACTGAAAGTAACCTTCAGTTGAACAGAGAAA
7	GAAGAAGTTACAACAACCTCTGGAAGAACTAAGTTCCTCACAGAAAACCTGTTACTTTATATTGACATTAATGGCAATCTT

Fonte: GenBank

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Como retratado no quadro 1, foi disponibilizado um momento de retirada de dúvidas para os estudantes ao longo da realização de suas questões-problema. O grupo II (analisado no presente

estudo), não requereu momento de retirada de dúvidas. Sobre esse fato, Silva e Muzardo (2018, p. 172) relatam em sua pesquisa sobre a Pirâmide de Aprendizagem de Willian Glasser em que: “aprendemos 10% do que lemos, na sequência, 20% quando ouvimos, 30% quando observamos, 50% quando vemos e ouvimos, 7% quando discutimos com outros, 80% quando fazemos e, na base, 95% quando ensinamos aos outros”.

Nesse sentido, observamos que, ao abrir mão da retirada de dúvidas, o grupo II não aproveitou os espaços de promoção de diálogos e debates que poderiam fomentar o desenvolvimento de um caminho metodológico mais bem elaborado no decorrer de suas pesquisas, além de produzir, de acordo com a pirâmide supracitada, uma maior oportunidade de aprendizado.

O caminho percorrido para a solução da questão-problema, apresentado de forma oral pelo grupo, foi transcrito e analisado.

“A gente analisou o texto e a aula sobre alinhamento e vimos que para chegar a uma resposta deveríamos montar os alinhamentos, vimos o tutorial da plataforma e começamos a futucar para tentar entender. Tínhamos 4 duplas de sequências e decidimos colocar elas no programa pra tentarmos fazer os tipos de alinhamento que a plataforma oferecia mesmo sem entender, pois pensamos que dali viria algum resultado que poderia nos direcionar...”
(Grupo II)

Ao analisarmos o início da apresentação do grupo II, observamos que não houve menção à relação existente entre a Ciência e o cotidiano deles, mesmo em uma questão-problema que tem como ponto principal sequências de Sars-Cov2, responsável pela pandemia que estamos vivendo desde o ano de 2020. As alunas utilizaram o dado apresentado para chegar a uma resposta, ainda que não tenham conseguido fazer relações entre os dados científicos observados.

Sasseron e Carvalho (2008) apresentaram três eixos estruturantes da AC. Dentre eles, vale destacar que o segundo preocupa-se com a “*compreensão da natureza da ciência e dos fatores éticos e políticos que circundam sua prática*”, o qual as autoras relatam a importância do contato com a forma como as investigações científicas são realizadas, uma vez que elas nortearão a reflexão e a resolução de problemas do dia a dia que envolvam ou os conhecimentos científicos ou os conhecimentos que advenham deles. A questão-problema resolvida pelo grupo discorre sobre a prática científica ao longo da pandemia utilizando os alinhamentos e, mesmo assim, o grupo foi mais pragmático nesse momento, atendo-se apenas à resolução e não ao debate científico e construção de argumentos tão relevantes no ensino de Ciências.

Faz-se mister salientar que os alunos tenham a percepção que uma prática de ensino por investigação vai além de um “descobrir coisas” ou mesmo “reproduzir experimentos”. Como aponta Sutton (2003), a “mera” observação dos fenômenos não basta, assim como a narrativa dos passos realizados de forma desconexa para responder uma pergunta que lhes fora solicitada.

A educação Científica deve oportunizar aos cidadãos o repertório necessário para que tais debates sejam promovidos. Além disso, esse mesmo tipo de educação deve proporcionar-lhes a compreensão dos problemas e desafios, não só socioeconômicos, mas também ambientais, dando subsídio à tomada de decisões. Para que isso ocorra, é necessário que esse então aluno – futuro cidadão – consiga assimilar tanto explicações e teorias de várias disciplinas científicas

quanto o conhecimento sobre as formas de produção de afirmações, produção, teste de hipóteses e uso de evidências e justificativas (TRIVELATO; TONIDANDEL, 2015).

Levando-se em consideração que a argumentação está relacionada, de modo intrínseco, à capacidade de os alunos levantarem hipóteses, analisou-se a apresentação do grupo com amparo na busca por elementos presentes no modelo argumentativo de Toulmin – TAP (TOULMIN, 2006). Tal modelo propõe um padrão de argumento composto por cinco elementos: os dados, as conclusões, as justificativas (também chamadas de garantias), o conhecimento anterior (ou apoio) e os qualificadores, que podem tanto enfatizar a afirmação proposta quanto refutá-la.

A análise da resposta à questão-problema do grupo permitiu observar os seguintes itens: dado e conclusão. Embora o grupo tenha conseguido, mediante a análise do dado, chegar a uma conclusão, percebemos que isso ocorreu sem justificativa ou, até no que no que é possível chamar, de tentativa e erro, onde o grupo tentou, de diversas formas, resolver a questão sem debater ou raciocinar e, a partir dali, surgiu uma resposta a qual não lhes fazia muito sentido. Um trecho que chamou atenção para tal se deu quando a aluna 2 do Grupo II pontuou: “*a dúvida que veio é se essa tal similaridade queria dizer igualdade, ficamos meio assim...na dúvida*”. Fora então perguntado ao grupo: “Vocês chegaram a buscar informações sobre? Marcaram aula de dúvidas?”, ao que obtivemos a seguinte resposta:

“Não, partimos do princípio que quanto mais similares, mais próximas elas eram e seguimos na nossa análise. Após realizarmos todos os dois tipos de alinhamento em todas as duplas, vimos que o local nos trazia dados melhores de similaridade...Não achamos que era um problema, já que a questão pedia os dados da similaridade, e dizermos o melhor tipo de alinhamento, e nós já tínhamos chegado na resposta. A última análise foi verificar se houve modificações, vimos que não, mas observamos que várias sequências ficavam com tracinhos embaixo ou em cima de uma base nitrogenada, como se não completasse.”

A prática da argumentação auxilia na organização do pensamento do indivíduo e, ao mesmo tempo, expressa a sua vontade ali. O fato de o grupo II não ter debatido, além de não ter pesquisado as dúvidas inerentes ao processo de realização de uma questão problema, contribuiu para que a argumentação fosse frágil.

Jiménez-Aleixandre (2005), ao analisarem debates com questões sociocientíficas em salas de aula, apontaram a argumentação como a justificação do conhecimento científico, sendo essa justificação como uma das formas encontradas pelos cientistas para embasarem seus dados empíricos ou respaldar teoricamente seus enunciados, hipóteses e conclusões. Devido à sua relevância dentro do ensino de Ciências, o Programa Internacional de Avaliação de Estudantes (PISA) define como competência a ser avaliada, e no capítulo do ensino de Ciências, classifica a dimensão argumentativa como: “*a capacidade de extrair conclusões apropriadas a partir de feitos e dados recebidos, de criticar os argumentos de outros com base em fatos e de distinguir entre uma mera opinião e uma afirmação sustentada por fatos.*” (OCDE / INECSE, 2004 p. 123).

Algumas razões podem suscitar as lacunas observadas durante a apresentação do grupo II. Julio e Vaz (2007) ao analisarem grupos de alunos como grupos de trabalho, se propuseram a entender como funciona o desenrolar dos trabalhos de grupo desde o momento da concepção

da ideia até o momento da entrega da atividade. Para tal, utilizaram dois conceitos, o primeiro foi o de *grupo de trabalho*, ao qual observaram que é o grupo que trabalha de maneira cooperativa, centrado na tarefa de aprendizagem, tendo características de organização e cooperação na busca de solução para um problema. Enquanto o segundo conceito, *suposições básicas* apresenta três formatos: dependência, acasalamento e luta-fuga. Acreditamos que o grupo II esteve inserido em uma suposição básica do tipo dependência, no qual pudemos observar a presença de uma liderança, que para o grupo deveria atuar como o “salvador”, resolvendo todas as dificuldades, dificultando a troca e a resolução em conjunto do grupo. No entanto, para uma definição concreta do que ocorreu com o referido grupo, caberia uma análise prospectiva, um acompanhamento desses estudantes para que dificuldades cognitivas ou de engajamento fossem avaliadas.

No entanto, ao serem questionadas se a ferramenta (OLATCG) auxiliaria na escola, no ensino de Genética, elas apontaram que sim, pois “a Genética da escola é um conteúdo abstrato e que a gente não consegue aprender direito, e a plataforma vai auxiliar nesse entendimento de Genética molecular”. Outra aluna desse mesmo grupo reportou o seguinte:

“E acho também que com essa ferramenta, a gente consegue visualizar na prática como essas ferramentas são utilizadas nos laboratórios, pra fazer vacinas, essas coisas. A gente consegue ter tipo um gostinho do que acontece lá e como é usado. Porque todo aquele assunto que a gente aprende na escola, DNA Genética, a gente não sabe para que serve, então eu achei muito interessante.”

A utilização da ferramenta OLATCG mediada com questões-problema pode auxiliar na redução da abstração observada no ensino de Genética (TEMP, 2018, LEAL; MEIRELLES; ROÇAS, 2019). De igual modo, lançar mão de recursos tecnológicos como estratégia didática favorece a troca de experiências e uma maior associação da escola com o contexto em que os estudantes estão inseridos.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

A estratégia desenvolvida ao utilizar a abordagem didática do ensino de Ciências por investigação foi construída mediante a utilização de três problemas de pesquisa a serem solucionados pelos alunos. No entanto, apesar de toda a sua potencialidade no ensino de Biologia na perspectiva do Letramento Científico, sua implementação com as alunas foi pautada por uma conversa inicial motivadora, o que demonstra ganho de conhecimento na condução de uma investigação de forma colaborativa, visto que as alunas esperavam uma pergunta com solução pronta de resposta, como ocorre de maneira corriqueira nas aulas.

Quando iniciada a estratégia, as trocas, os questionamentos, as ações e reflexões sobre o passo a passo do processo investigativo contribuíram para a construção do conhecimento e o desenvolvimento de habilidades concernentes ao que preconiza a BNCC para o ensino de Biologia, garantindo uma resposta deveras positiva das nove alunas envolvidas.

A análise da apresentação oral do grupo II sobre o caminho metodológico escolhido para responder à questão problema da pesquisa demonstrou algumas lacunas no que concerne à

necessidade das alunas de responderem à pergunta mesmo sem um debate ou uma criticidade maior. Foi observado que elas queriam entregar uma resposta de qualquer maneira. O Grupo não conseguiu vislumbrar as conexões existentes entre a temática trazida na questão-problema e o contexto em que estão inseridas, mesmo com tema de relevância mundial que está sendo amplamente debatido na mídia. Entretanto, o grupo conseguiu, mediante diálogo, construir uma resposta pertinente ao esperado pela questão-problema.

Cabe ressaltar que as dificuldades observadas na estruturação da questão-problema pelo grupo estudado foi apenas no que tange à parte teórica, pois a utilização da ferramenta se deu de maneira satisfatória, tendo o grupo associado sua utilização à redução das abstrações observadas no ensino de Genética Molecular.

Acreditamos que caberia uma avaliação continuada desse grupo, confrontando-os com outras situações-problema que envolvessem a temática, o que possibilitaria aos docentes a criação/recriação de estratégias que pudessem aumentar o engajamento dos estudantes no momento da realização, proporcionando uma melhor oportunidade de aprendizado. Além de um uso rotineiro da OLATCG com os estudantes, ao longo das aulas de Biologia para uma análise prospectiva do impacto dessa plataforma nas aulas de Genética.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ATWOOD, T.K; BLACKFORD, S.; BRAZAS, M.D.; DAVIES, A.; SCHNEIDER, M.V. A global perspective on evolving bioinformatics and data science training needs. *Briefings in Bioinformatics*, Londres, OUP. v.20, n.2, p. 398–404, mar. 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/bib/bbx100>. Acesso em 14 jul. 2021.

BRASIL (Ministério da Educação/CNE). **Base Nacional Comum Curricular**. Parecer CEB Nº 2, Brasília: MEC, 2017.

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>. Acesso em 22 out. 2020.

JIMÉNEZ ALEIXANDRE, M.D.P.; ÁLVAREZ PÉREZ, V.; LAGO LESTÓN, J.M. La argumentación en los libros de texto de ciencias. *Tarbiya: Revista de investigación e innovación educativa*. n. 36. 2017. Disponível em: <https://revistas.uam.es/tarbiya/article/view/7232>. Acesso em 15 nov. 2022

JULIO, J. M.; VAZ, A. de M. Grupos de alunos como grupos de trabalho: um estudo sobre atividades de investigação. *Revista Brasileira de Pesquisa em Educação em Ciências*, [S. l.], v. 7, n. 2, 2011. Disponível em: <https://periodicos.ufmg.br/index.php/rbpec/article/view/4034>. Acesso em: 15 nov. 2022.

KRASILCHIK, M. **Prática de Ensino de Biologia**. São Paulo. EdUSP. 2004.

KUMAR, S.; NEI, M., DUDLEY, J.; TAMURA, K. MEGA: a biologist-centric software for evolutionary analysis of DNA and protein sequences. *Briefings in bioinformatics*, Oxford, OUP, n.9, v.4, p.299–306. 2008.

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.

MENDES, A.C.O. **Em busca do Letramento Científico: análise de ferramentas de Bioinformática para o ensino de Genética no ensino médio**. 2022. 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.

MOTA, E.S. **Bioinformática no ensino de genética para o curso de graduação de Ciências Biológicas sob metodologia ativa**. São Cristóvão, SE, 2018. Monografia (licenciatura em Ciências Biológicas) – Departamento de Biologia, Centro de Ciências Biológicas e da Saúde, Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão, 2018.

PIERCE, B. “Introduction to Genetics”. In: **Genetics: a Conceptual Approach**. Nova Iorque: W. H. Freeman, p. 1-14. 2012.

SASSERON, L. H. Alfabetização científica, ensino por Investigação e Argumentação: relações entre Ciências da Natureza e Escola. **Ensaio Pesquisa em Educação em Ciências**, Belo Horizonte, UFMG, v.17, 2015.

SASSERON, L.H.; CARVALHO, A.M.P. Almejando a alfabetização científica no ensino fundamental: A proposição e a procura de indicadores do processo. **Investigações em Ensino de Ciências**, Porto Alegre, UFRGS, v. 13, v.3, 2008.

SILVA, F.L.; MUZARDO, F.T. Pirâmides e cones de aprendizagem: da abstração à hierarquização de estratégias de aprendizagem. **Dialogia**, São Paulo, n. 29, p. 169-179, mai./ago. 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.5585/Dialogia.n29.7883>. Acesso em: 10 abr 2020.

SOLINO, A.P. **Problemas potenciais significadores em aulas investigativas: contribuições da perspectiva histórico-cultural**. Tese (Doutorado em Educação), Universidade de São Paulo. São Paulo, SP. 2017.

STAHL, G. A decade of CSCL. **International Journal of Computer-Supported Collaborative Learning**, [s.l.], [s.n.]. v.10, n.4, p.337-344. 2015.

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.

TEMP, D. S.; BARTHOLOMEI-SANTOS, M. L. O ensino de Genética: a visão de professores de Biologia. *Rev.Cient. Schola*, Santa Maria, CMSM. v.2, n.1, p. 83-95, 2018.

TOULMIN, S. **Os usos do argumento**. São Paulo: Martins Fontes, 2006. 375p.

TRIVELATO, S.L.F.; TONIDANDEL, S.M.R. Ensino por investigação: eixos organizadores para sequências de ensino de biologia. **Ensaio Pesquisa em Educação em Ciências**. Belo Horizonte, UFMG, v.17, n. ESPECIAL, p.97-114. 2015.