

14 BIOINFORMÁTICA COMO UMA FERRAMENTA DIDÁTICA PARA O ENSINO DA GENÉTICA

Autores 14.1

Marcos Antonio Nobrega de Sousa , Jeniffer Gabrielly de Sousa Pereira , Ana Luíza Vieira Soares , Ana Beatriz Braz dos Santos , Ricardo Henrique Pereira da Silva , Arthur Moraes de Medeiros , Bruna Lima de Araujo , Francisca Vitória Amaral Nobrega 

Revisão: Isaac Farias Cansanção , Diego Lucas Neres Rodrigues 

Cite este artigo 14.1

Sousa, MAN *et al.* **Bioinformática como uma ferramenta didática para o ensino da Genética**. BIOINFO. ISSN: 2764-8273. Vol. 3. p.14 (2023). doi: 10.51780/bioinfo-03-14

Resumo 14.1

O ensino do conteúdo de genética geralmente é um desafio tanto para os professores da educação básica quanto do ensino superior, devido ao seu alto nível de complexidade e abstração. Esse trabalho tem por objetivo mostrar a importância da bioinformática como uma ferramenta didática para o ensino da genética. Como um exemplo, para ilustrar este tema, foi realizada a aplicação de um questionário para coletar as respostas de estudantes de licenciatura em ciências biológicas de uma universidade pública brasileira após uma aula expositiva com utilização de ferramenta de bioinformática. Ao analisar os resultados foi comprovado pouco conhecimento dos discentes acerca do assunto. Portanto, verificou-se que ao ser utilizada em aulas de filogenia e genética, a bioinformática proporciona melhor entendimento das mesmas, e quebra a barreira da abstração, oferecendo dados facilmente acessíveis numa ferramenta didática que facilita o processo de ensino-aprendizagem de genética/biologia.

Palavras-chaves: Bioinformática, ferramenta didática, ensino de genética, biologia.

14.1 *Abstract*

Teaching genetics content is usually a challenge for both basic and higher education teachers, due to its high level of complexity and abstraction. This work aims to show the importance of bioinformatics as a didactic tool for teaching genetics. As an example, to illustrate this theme, a questionnaire was applied to collect responses from undergraduate students in biological sciences at a Brazilian public university after an expository class using a bioinformatics tool. When analyzing the results, it was proved that the students had little knowledge about the subject. Therefore, it was found that when used in phylogeny and genetics classes, bioinformatics provides a better understanding of them, and breaks the barrier of abstraction, offering

easily accessible data in a didactic tool that facilitates the teaching-learning process of genetics/biology.

Keywords: Bioinformatics, didactic tool, genetics teaching, biology.

14.2 Introdução

O ensino de genética e biologia molecular, apresenta-se como um desafio para os professores de ciências e biologia, pois apresentam um nível de abstração e descontextualização da realidade dos alunos [1]. Em decorrência disso, é comum os professores relatarem dificuldades no ensino da genética, pois aulas práticas são geralmente inviáveis, devido ao planejamento das atividades práticas-experimentais e dos custos que envolvem a utilização de materiais adequados para sua execução [2].

O avanço das ciências e o aprimoramento técnico científico, possibilitaram a introdução das tecnologias em diversas áreas de conhecimento. Apesar da valorização de livros didáticos, atualmente a educação básica necessita da inserção de tecnologias digitais nas suas metodologias, para assim, fugir do método tradicional de ensino, e poder facilitar o processo de ensino-aprendizagem [3].

A bioinformática surge como um meio alternativo para sanar essa dificuldade que ocorre na área da Biologia e Genética, pois pode ser definida como uma área de saber interdisciplinar, que tem por objetivo desenvolver e investigar sistemas que ajudem na compreensão do fluxo de informações, desde os genes até as estruturas moleculares [4]. A Bioinformática utiliza bancos de dados para armazenar um catálogo geral de informações sobre a variação do material genético, para atender a projetos de sequenciamento em larga escala [5]. Estas informações podem ser encontradas, por exemplo, por meio de sites, como: *Center for Biotechnology Information* (NCBI), que é um portal de informações sobre biotecnologia e bioinformática “<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>”, GenBank, que é um banco de dados de anotações de sequências de nucleotídeos e traduções de proteínas, disponíveis publicamente “<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>”, PubMed, que é um portal de literatura científica na área biomédica e de

ciências da vida “<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/>”, e LocusLink e RefSeq, recursos do NCBI, que facilitam a recuperação de informações baseadas em genes e fornecem padrões de sequência de referência “<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC102393/>”, entre outros.

Estes dados podem ser utilizados para a execução de aulas experimentais em assuntos que envolvem genética, biologia celular e molecular e até mesmo filogenia. Porém, a maioria dos alunos e licenciados em ciências biológicas, desconhecem sobre as aplicações e o uso da bioinformática no curso. Por ela ser considerada uma ciência nova e ainda pouco difundida no meio acadêmico, mesmo frente a essencialidade da inovação de práticas para a utilização de novas tecnologias. Além disso, este assunto não foi abordado durante o processo de formação da maioria dos professores [6].

Ao ser utilizada como ferramenta didática, a bioinformática proporciona aos docentes uma forma de trabalhar e facilitar a compreensão de temas abstratos e conceituais, como o que se encontram na genética [7]. Neste sentido, este trabalho teve por objetivo mostrar a importância da bioinformática como uma ferramenta didática para o ensino de genética e filogenia. Além de analisar o conhecimento dos licenciandos em ciências biológicas, a respeito da bioinformática.

14.2.1 Aspectos metodológicos da atividade didática

Para exemplificar tal fato, foi explorado o conhecimento de 13 licenciandos em Ciências Biológicas, do curso de licenciatura em Ciências Biológicas, da Universidade Federal de Campina Grande – UFCG, campus Patos, PB acerca de conceitos básicos relacionados à bioinformática como uma ferramenta didática para o ensino da biologia. Os alunos foram amostrados de turmas que já assistiram aula da disciplina Genética Molecular. Os dados foram coletados como parte das atividades do componente curricular Genética Molecular, ministrado pelo professor da disciplina, que informou aos alunos, que os dados seriam utilizados em pesquisa, que a participação deles seria voluntária e que suas informações seriam utilizadas de forma sigilosa e anônima. Foram amostrados alunos das turmas 2020.2, 2021.2 e 2022.2. O critério de exclusão da amostragem foram os(as) alunos(as) não terem respondido as perguntas e/ou não ter aceito participar da

pesquisa, enquanto que os que aceitaram de forma livre, esclarecida e voluntária, foram incluídos na amostra .

Num primeiro momento, foi realizada uma aula expositiva sobre Bioinformática, na qual foi utilizado o site NCBI para transmitir informações aos entrevistados sobre o assunto. Este site apresenta um banco de dados de taxonomia, e é o repositório padrão de nomenclatura e classificação para o International Nucleotide Sequence Database Collaboration (INSDC), compreendendo os bancos de dados GenBank, ENA (EMBL) e DDBJ. Nele estão incluídos os nomes de organismos e linhagens taxonômicas para cada uma das sequências representadas nos bancos de dados de sequências de nucleotídeos e proteínas.

Parte deste artigo foi desenvolvido durante a disciplina de Bioinformática, ministrada como disciplina optativa no curso de graduação de Licenciatura em Ciências Biológicas, na Universidade Federal de Campina Grande- UFCG, no Campus de Patos, PB.

Para exemplificar como elucidar a origem do vírus SARS-COV2 (Coronavírus) , sua evolução (mutações, adaptações, etc.), são utilizados métodos que permitem entender as relações de parentesco entre organismos a partir de características encontradas no material genético dos organismos analisados. Desta forma, ao final da análise, é possível obter uma árvore filogenética, que é uma representação esquemática das relações de parentesco entre os taxa (linhagens taxonômicas), a partir dos critérios previamente utilizados.

Para realizar a análise filogenética molecular é necessário realizar as seguintes operações:

- 1) Obtenção das sequências ou genoma completo do vírus
- 2) Alinhamento das sequências;
- 3) Escolha de um método de substituição de nucleotídeos ou aminoácidos adequado;

4) Escolha do método de reconstrução filogenética

5) Construção da Árvore filogenética

14.2.2 1) Obtenção das sequências

Para este projeto, bastante simplificado, foram utilizadas cinco amostras de genomas completos de vírus retiradas do GenBank, para entender as relações entre genomas dos vírus coletados de diferentes amostras.

Os identificadores dos vírus, depositados no GenBank, foram: MN908947 (novo coronavírus “SARS-COV2” em humano oriundo de Wuhan), MN996532 (coronavírus de morcego), KY417146 (vírus relacionado à SARS de morcego), MT084071 (vírus relacionado à SARS de pangolim) e NC_038294.1 (vírus relacionado a MERS-COV, que infecta humanos, proveniente de camelo).

1.1) Procedimento:

a) Na página do NCBI ou GENBANK, identifique a palavra Acession, localizada na aba lateral esquerda da página. Para acesso ao campo de busca, clique no sinal de +, localizado à direita no nome Acession.

b) coloque os nomes dos identificadores dos genomas da seguinte forma: “MN908947, MN996532, KY417146, MT084071, NC_038294.1” e, em seguida, clique no botão azul com a palavra submit. (Figura 14.1).

The screenshot shows the NCBI Virus search interface. On the left, there's a sidebar with 'Refine Results' and a 'Submit' button. The main area has a table titled 'Nucleotide (10,487,008)', 'Protein (46,996,530)', and 'RefSeq Genome (11,598)'. The table columns include 'Accession', 'Submitters', 'Organization', 'Release Date', 'Isolate', and 'Species'. Several rows are listed, each starting with a checkbox and followed by the accession number (e.g., NC_067209, NC_067210, NC_067211, etc.), the name 'Shkoporov,A...', the organization 'National Center for Biotech...', the date '2022-10-21', and the species (Bohivirus oralis, Afobavirus intestinalis, Buchavirus intestinalis, Birnavirus hominis, Blahavirus faecalis, Buchavirus oralis, Burzaovirus intestinalis). There are also 'Select Columns' and 'Feedback' buttons at the bottom right of the table.

Nucleotide (10,487,008)		Protein (46,996,530)		RefSeq Genome (11,598)		Select Columns
Accession	Submitters	Organization	Release Date	Isolate	Species	Feedback
NC_067209	Shkoporov,A...	National Center for Biotech...	2022-10-21		Bohivirus oralis	
NC_067210	Shkoporov,A...	National Center for Biotech...	2022-10-21		Afobavirus intestinalis	
NC_067211	Shkoporov,A...	National Center for Biotech...	2022-10-21		Buchavirus intestinalis	
NC_067212	Shkoporov,A...	National Center for Biotech...	2022-10-21		Birnavirus hominis	
NC_067213	Shkoporov,A...	National Center for Biotech...	2022-10-21		Blahavirus faecalis	
NC_067214	Shkoporov,A...	National Center for Biotech...	2022-10-21		Buchavirus oralis	
NC_067215	Shkoporov,A...	National Center for Biotech...	2022-10-21		Burzaovirus intestinalis	

Figura 14.1: Acesso aos genomas no NCBI virus. FONTE: NCBI, 2023.

A partir deste momento, após clicar em submit, a página deve mudar e ficar com a aparência da figura 14.2, com apenas as cinco sequências selecionadas dispostas na tela.

The screenshot shows the NCBI Virus search interface. On the left, there is a sidebar with 'Refine Results' filters: Virus (+), Accession (+), Sequence Length (+), Ambiguous Characters (+), Sequence Type (+), RefSeq Genome Completeness (+), and Nucleotide Completeness (+). The main area displays a table titled 'Nucleotide (5)' with columns: Accession, Submitters, Organization, Release Date, Isolate, Species, and Molecule type. Five rows are listed, each corresponding to one of the selected accessions from the sidebar. The first row is highlighted with a blue border. A 'Select Columns' button is at the top right of the table. A 'Feedback' button is located on the right side of the page.

Refine Results		Reset
Virus	+	
Accession	+	
Results limited to selected accessions x		
Sequence Length	+	
Ambiguous Characters	+	
Sequence Type	+	
RefSeq Genome Completeness	+	
Nucleotide Completeness	+	
...		

Nucleotide (5)		Protein (69)	RefSeq Genome (1)	Select Columns		
Accession	Submitters	Organization	Release Date	Isolate	Species	Molecule type
NC_038294 selected	de Groot,R.J., et al.	National Center for Biotech...	2018-08-24	H123990006	Middle East respiratory sy...	ssRNA(+)
MT084071	Liu,P., et al.	South China Sea Fisheries...	2020-02-20	MP789	Pangolin coronavirus	ssRNA(+)
MN996532	Zhou,P., et al.	Wuhan Institute of Virolog...	2020-01-29	RaTG13	Severe acute respiratory s...	ssRNA(+)
MN908947	Wu,F., et al.	Fudan University, Shangh...	2020-01-12	Wuhan-H...	Severe acute respiratory s...	ssRNA(+)
KY417146	Hu,B., et al.	Wuhan Institute of Virolog...	2017-11-01	Rs4231	Severe acute respiratory s...	ssRNA(+)

Figura 14.2: Genomas selecionados no NCBI virus. FONTE: NCBI, 2023.

14.2.3 2) Alinhamento das sequências

Para alinhar as sequências, deve-se clicar no primeiro quadrado branco da tabela ao lado da palavra accession em preto e depois clicar no quadro branco com o nome align em azul, localizado no canto superior direito da página.

Será aberta uma nova aba no navegador e será realizado o alinhamento múltiplo das sequências. Cujo resultado deve ser igual ao da Figura 14.3.

The screenshot shows the 'Multiple Alignment' tool on the NCBI Virus website. At the top, there is a navigation bar with the NIH logo, National Library of Medicine, National Center for Biotechnology Information, Log in, NCBI Virus, Sequences for discovery, About Us, Find Data, Help, How to Participate, Submit Sequences, and Contact Us. Below the navigation bar, the title 'Multiple Alignment' is displayed. The main area shows a sequence alignment visualization with a color scale from green to red. The x-axis represents positions from 1 to 32,079. The y-axis lists sequence IDs: 1, 2000, 4000, 6000, 8000, 10000, 12000, 14000, 16000, 18000, 20000, 22000, 24000, 26000, 28000, 30000, and 32079. A legend on the right identifies the organisms: Betacoronavirus_England_1, Bat SARS like coronavirus, Pangolin coronavirus, Bat coronavirus RaTG13, and Severe acute respiratory. A 'Feedback' button is located on the right side of the page.

Figura 14.3: Resultado do alinhamento múltiplo das sequências utilizadas. FONTE: NCBI, 2023.

As etapas, 3, 4 e 5 seguintes serão realizadas voltando-se a aba inicial e clicando no quadro branco com o nome Build Phylogenetic Tree em azul, localizado no canto superior direito da página.

Então será gerada uma nova aba com a árvore filogenética de acordo com a Figura 14.4.

Neste segundo momento, foi realizado um Blast no site do National Center for Biotechnology Information (NCBI) ou GenBank, onde foram colocadas as cinco amostras dos vírus, com o objetivo de obter o alinhamento de sequências dos mesmos e por fim, resultar em uma árvore filogenética (Figura 14.4).

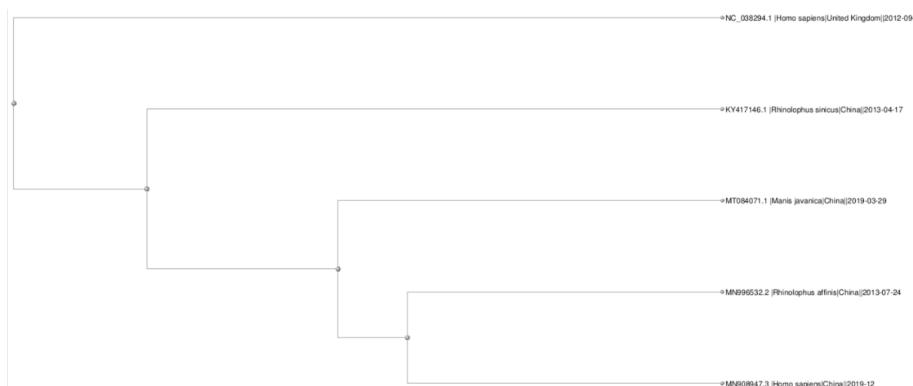


Figura 14.4: Árvore Filogenética gerada. FONTE: NCBI, 2023.

Esta árvore simplificada indica que o novo coronavírus (SARS-CoV-2) é mais parecido com um coronavírus de morcego, e ambos são derivados do coronavírus de um pangolin. Isto sugere que o vírus provavelmente foi transmitido a partir de animais como morcegos ou pangolins. Este grupo tem uma relação próxima com outra espécie de morcego e que é proximamente relacionado com o vírus mers-cov, que infectou os humanos em 2012 e foi transmitido pelo camelo.

Após a finalização da aula expositiva, foi aplicado um questionário via Google Forms, com as seguintes perguntas: (1) O que é bioinformática?; (2) Você tinha conhecimento do Banco de Dados do *National Center for Biotechnology Information* (NCBI)?; (3) O que é Genoma?; (4) O que é Alinhamento de Sequências?; (5) O que é Filogenia Molecular?

Deste modo foram utilizadas quatro perguntas abertas e uma de múltipla escolha, selecionadas de acordo com o assunto da aula expositiva, a fim de medir os conhecimentos dos licenciandos acerca da temática.

Tabela 14.1: Conceito de Bioinformática. FONTE: Autores, 2023.

#	RESPOSTAS DOS PARTICIPANTES	Total
1	Biologia aplicada à informática ou tecnologia	2
2	A bioinformática é a junção da biologia e informática para a análise de dados biológicos, através de programas.	6
3	Ciência responsável pelo trabalho de informação de análises gênicas	4
4	Não sei	1

14.3 Resultados e discussão

Neste artigo, buscamos compreender como é a relação de conhecimento dos discentes com a bioinformática, e por conta disso, julgamos necessário investigar qual a concepção dos alunos, acerca do conceito de bioinformática. Visto que a Bioinformática pode ser definida como uma área de saber interdisciplinar, que tem por objetivo investigar e elaborar sistemas que colaborem para a compreensão do fluxo de informações de genes ou até estruturas moleculares[5]. E além disso, pode abranger outras vertentes, que envolvem o uso de banco de dados online, a genômica, proteômica e até os sistemas biológicos. Foi observado que os participantes responderam a pergunta sobre o conceito de bioinformática de três formas diferentes (Tabela 14.1).

A maioria dos alunos definiu a bioinformática de forma correta como sendo “A bioinformática é a junção da biologia e informática para a análise de dados biológicos, através de programas.”

R10: É uma mescla entre ciências, que usa os dados biológicos aplicados a estatísticas, programas e informática para processar e analisar estes dados.

Outros participantes definiram de maneira parcialmente correta como “biologia aplicada à informática ou tecnologia”

R1: Biologia aplicada à informática

R3: Biologia interligada com a tecnologia

Já outros definiram o conceito de bioinformática de forma incorreta “Ciência responsável pelo trabalho de informação de análises gênicas”

R5: Ciência responsável pelo trabalho de informação de análises gênicas

Percebe-se que 46,16% dos alunos entrevistados conseguiram responder de forma correta à pergunta proposta, porém 30,77% responderam de forma parcialmente correta em relação ao conceito de “bioinformática”, pois só responderam que é a junção da biologia com a informática, porém os mesmos não souberam definir além disso. 15,38% responderam de forma incorreta, associando a bioinformática ao conceito de genômica, que é a ciência que trabalha com a análise de informações gênicas, e somente 7,69% não souberam responder.

O site do NCBI foi utilizado para a execução de uma aula expositiva inicial sobre Bioinformática. Após esta aula foi inserida uma pergunta de múltipla com o intuito de averiguar o conhecimento dos participantes no que diz respeito ao conceito desta área da ciência, e obtemos as seguintes respostas (Figura 14.5).

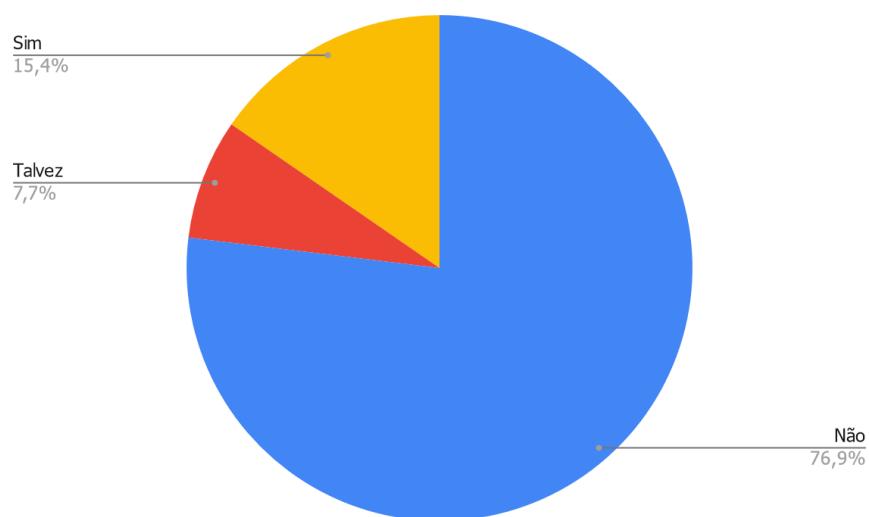


Figura 14.5: Respostas da pergunta: se os participantes conheciam o NCBI. FONTE: Autores, 2023.

Como resultado foi percebido que 76,9% dos participantes não conheciam o NCBI, e os mesmos não conheciam sua importância para a bioinformática e nunca tiveram contato com ele. Os 15,4% que conheciam, sabiam da existência do NCBI, mas nunca chegaram a utilizá-lo.

Tabela 14.2: O que é Genoma. Fonte: Autores, 2023.

#	RESPOSTAS DOS PARTICIPANTES	Total
1	Conjunto de todos os genes de uma espécie de ser vivo	10
2	São as características herdadas dos nossos pais	1
3	É o conjunto haplóide de cromossomos de uma espécie	1
4	Não sei	1

Também foi perguntado aos participantes, se eles detinham conhecimento sobre a definição de genoma, tendo em vista que o mesmo pode ser analisado na bioinformática, a partir de algoritmos computacionais para sua montagem e anotação [8]. As respostas dos alunos foram as seguintes, conforme a Tabela 14.2.

A maioria dos alunos respondeu corretamente, definindo genoma como: “Conjunto de todos os genes de uma espécie de ser vivo”.

R8: “O Genoma são todos os conjuntos de genes presente em um organismo”.

Outras pessoas responderam de forma incorreta, pois relacionaram genoma a “características herdadas dos pais”, ou “conjunto haplóide de cromossomo de uma espécie”

R3: “São as características herdadas dos nossos pais”.

R6: “É o conjunto haplóide de cromossomos de uma espécie”.

O curso de licenciatura em ciências biológicas, abrange disciplinas que envolvem conceitos relacionados à genética, como, por exemplo, o genoma. Por conta disso, 76,93% dos discentes responderam corretamente à pergunta e apenas 23,07% responderam de forma errada e apenas 7,69% não souberam responder.

Na aula expositiva, foi feito o alinhamento do genoma das 5 amostras de vírus, para assim resultar na árvore filogenética. Com base nisso, foi abordado se os discentes tinham conhecimento sobre a definição de alinhamento de sequências (Tabela 14.3).

Tabela 14.3: O que é alinhamento de sequências. Fonte: Autores, 2023

#	RESPOSTAS DOS PARTICIPANTES	Total
1	Processo de comparar duas sequências (de nucleotídeos ou proteínas) de forma a se observar seu nível de identidade.	4
2	Sequências de nosso genoma	1
3	Alinhamento e isolamento de duas sequências	3
4	Não sei	5

Menos da metade dos participantes responderam corretamente, afirmado que "é o processo de comparar duas sequências (de nucleotídeos ou proteínas) de forma a se observar seu nível de identidade"

R6: "Alinhamento de sequências é uma forma de dispor as sequências de DNA, RNA ou proteínas, e tem o objetivo de identificar regiões similares que estão envolvidas em questões evolutivas".

Poucas pessoas responderam parcialmente correto, dizendo que "é o Alinhamento e isolamento de duas sequências". A Ferramenta Básica de Pesquisa de Alinhamento Local (BLAST) encontra regiões de similaridade local entre sequências. O programa compara sequências de nucleotídeos ou proteínas com bancos de dados de sequências e calcula a significância estatística das correspondências. O BLAST pode ser usado para inferir relações funcionais e evolutivas entre sequências, bem como ajudar a identificar membros de famílias de genes [9].

R7: "Não sei, acredito que esteja relacionado com o alinhamento de sequências do material genético".

Apenas um participante respondeu de forma totalmente errada, afirmando que alinhamento de sequências são "Sequências de nosso genoma"

R3: "São as sequências dos nossos genomas".

Muitas pessoas relataram que desconheciam sobre o alinhamento de sequências e quando feito na aula expositiva, tiveram contato pela primeira vez com o mesmo. Por conta disso, observamos que apenas 30,77% souberam definir

Tabela 14.4: O que é Filogenia Molecular. Fonte: Autores, 2023.

	RESPOSTAS DOS PARTICIPANTES	Total
1	Analisa as diferenças moleculares hereditárias, principalmente em sequências de DNA	9
2	Não sei	4

corretamente, 23,08% responderam parcialmente correto, 38,46% não sabiam e apenas 7,69% responderam incorretamente.

Por fim, quando realizado o alinhamento de sequências, com a ferramenta Blast e demais disponíveis no site, foi obtida uma árvore filogenética, para informar o grau de similaridade entre os vírus. Visando isso, foi questionado se os alunos saberiam definir o conceito de Filogenia Molecular, e foram obtidas as seguintes respostas (Tabela 4).

A maioria dos participantes, responderam de forma correta, dizendo que” a filogenia molecular analisa as diferenças moleculares hereditárias, principalmente em sequências de DNA”.

R1: “Uma forma recente de identificar a história evolutiva dos organismos com base na biologia molecular. Muito importante na construção de árvores filogenéticas utilizando genes e não só características morfológicas na construção de uma linha evolutiva.”

Percebe-se que 69,23% dos participantes responderam de forma correta sobre a definição de filogenia molecular, pois os mesmos já tiveram contato com o termo, durante a graduação, porém, não sabiam que através de programas da bioinformática poderiam fazer essa filogenia molecular. 30,77% responderam que não sabiam, ou não lembraram.

A genética é uma área da biologia que é citada por muitos alunos de ensino médio como difícil, pois sentem dificuldades em assimilar seus conceitos em consequência da variedade de termos científicos [2]. Por conta disso, muitas vezes, a mesma acaba sendo taxada como uma disciplina “sem sentido”, o que gera uma certa dificuldade para os professores de ciências trabalharem com ela, em sala de aula.

Além disso, assuntos como filogenia, muitas vezes são repassados de forma inerte e descontextualizada, tornando a interpretação reducionista. Portanto, ferramentas como a bioinformática, contribuem para o processo ensino-aprendizagem, pois ao inserir dados e gerar as árvores de forma rápida, acaba tornando o ensino dinâmico e significativo [5].

Foi denotado que os licenciandos analisados não sabiam que a bioinformática continha um banco de dados, que poderia ser utilizado para ministrar aulas, seja por a mesma ainda ser considerada uma ciência nova, ou por não ser uma disciplina de caráter obrigatório, no curso de ciências biológicas da instituição em que eles estão inseridos.

14.4 Conclusão

A bioinformática como ferramenta didática, se apresenta como um método eficaz para a contribuição do ensino de genética, pois a mesma, aborda uma área que por muitos é considerada desconexa com a realidade, por conta de sua complexidade. Visando isso, a bioinformática vem sanar essa lacuna e aparecer como um instrumento valioso para o ensino. Observa-se, no entanto, que, os docentes, geralmente, não apresentam treinamento necessário para trabalhar com a mesma. E a difusão deste conhecimento pode auxiliar a popularizar ainda mais o uso da bioinformática.

Saiba mais 14.1

Este artigo está disponível em <https://bioinfo.com.br/bioinformatica-como-uma-ferramenta-didatica-para-o-ensino-da-genetica/>

14.5 Referências

- [1] LOPES, S. M. C. . Genetics Education in High School: challenges and new perspectives for quality of learning. Research, Society and Development, [S. l.], v. 12, n. 1, p. e7912139422, 2023. DOI: 10.33448/rsd-v12i1.39422. Disponível em: <https://rsdjurnal.org/index.php/rsd/article/view/39422>. Acesso em: 21 aug. 2023.

- [2] ARAUJO, Maurício dos Santos; FREITAS, Wanderson Lopes dos Santos; LIMA, Sintiane Maria de Sá; LIMA, Mara de Oliveira. A genética no contexto de sala de aula: dificuldades e desafios em uma escola pública de Floriano-PI. REnCiMa, v. 9, n.1, p. 19-30, 2018.
- [3] 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: 21 jan. 2023.
- [4] 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: 15 jan. 2023.
- [5] MENDES, Anna Carolina de Oliveira, RAMOS, Amanda Perse da Silva, BARBOSA, Luiz Miguel Viana, OLIVEIRA, Maria de Fátima Alves de. OLATCG: ferramenta de bioinformática para o ensino de genética no ensino médio. REAMEC – Rede Amazônica de Educação em Ciências e Matemática. Cuiabá, v. 10, n., 3, e22061, set./dez. 2022. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.26571/reamec.v10i3.13954>. Acesso em: 05 fev. 2023.
- [6] SOUSA, F. B.; PEDRO, A. N., ARAÚJO, B. N. e COUTINHO, T.J.D. Potencialidades do uso da bioinformática como ferramenta de ensino. *Bioinfo*. 2022. Disponível em: <https://bioinfo.com.br/potencialidades-do-uso-da-bioinformatica-como-ferramenta-de-ensino/> Acesso em: 31 jul. de 2023.
- [7] MOARES, Isabelle de Oliveira. Bioinformática no ensino de Biologia: revisão bibliográfica e concepção de educadores. Monografia de especialização em Ensino de Ciências e Biologia. Colégio Pedro II. Rio de Janeiro, 2019.
- [8] FERREIRA, Mauricio Alexander de Moura Ferreira. Bioinformática como ferramenta no melhoramento genético de plantas. Trabalho de conclusão de curso para obtenção do grau de Bacharel em Ciências Biológicas. Vitória, 2017.
- [9] Disponível em: <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>. Acesso em 22 Ago 2023.