

# UTILIZAÇÃO DO SOFTWARE MOLECULAR EVOLUTIONARY GENETICS ANALYSIS (MEGA) COMO FERRAMENTA PARA O ENSINO DE BIOLOGIA

## *USE OF MOLECULAR EVOLUTIONARY GENETICS ANALYSIS (MEGA) SOFTWARE AS A TOOL FOR TEACHING BIOLOGY*

**Francisco Bruno de Sousa**

franciscobrunodesousa80@gmail.com

*Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Ceará (IFCE)*

**Camila Franco Batista de Oliveira**

camilafrancobo@gmail.com

*Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Ceará (IFCE)*

**Nureyev Ferreira Rodrigues**

nureyevrod@gmail.com

*Hospital de Clínicas de Porto Alegre (HCPA)*

**Kellyanne dos Anjos Carvalho**

kellyanne.carvalho@ufob.edu.br

*Universidade Federal do Oeste da Bahia (UFOP) Centro Multidisciplinar de Barra*

**Tarcisio José Domingos Coutinho**

tarcisio.coutinho@ifce.edu.br

*Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Ceará (IFCE)*

### RESUMO

A sociedade atual tem como característica a presença cada vez mais acentuada da ciência e da tecnologia, dessa forma os estudantes da era tecnológica demandam da escola um novo espaço de ensino, um espaço em que possam e sejam capazes de inferir, modificar e produzir. O uso das Tecnologias Digitais da Informação e Comunicação (TDICs) no ensino, desempenham um papel importante. Nessa perspectiva, este trabalho teve por objetivo produzir um manual de aulas, usando o *software Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA)*, como o recurso de apoio didático para as aulas de biologia. A metodologia foi dividida em três etapas: 1ª – levantamento bibliográfico; 2ª – planejamento das aulas; e 3ª – elaboração do manual. Que resultou em um manual com 25 páginas, intitulado *MEGA Molecular Evolutionary Genetics Analysis: uma ferramenta pedagógica*, no formato PDF, dividido em 5 capítulos de acordo com uma perspectiva de ensino investigativo. A sequência de capítulos e o encadeamento das ideias foram construídos de tal maneira a funcionar como sugestão de como poderão discorrer as aulas, podendo ser aplicado para a realização de análises simples tanto em escolas com poucos ou muitos recursos tecnológicos. Conclui-se que o material poderá ser usado em aulas de biologia do ensino médio, que a partir dele professores interessados em inserir a ferramenta terão um suporte adequado e que estudos posteriores sejam feitos demonstrando a aplicação do manual em sala de aula.

**PALAVRAS-CHAVE:** TIDCs; ensino de bioinformática; metodologia ativa.

**ABSTRACT**

*Today's society is characterized by the increasing presence of science and technology, so students of the technological era demand from the school a new teaching space, a space in which they can and are able to infer, modify and produce. The use of Digital Information and Communication Technologies (DICTs) in teaching plays an important role. From this perspective, this work aimed to produce a class manual, using the Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software, as a didactic support resource for biology classes. The methodology was divided into three stages: 1st – bibliographic survey; 2nd – lesson planning; and 3rd – elaboration of the manual. That resulted in a manual with 25 pages, entitled MEGA Molecular Evolutionary Genetics Analysis: a pedagogical tool, in PDF format, divided into 5 chapters according to an investigative teaching perspective. The sequence of chapters and the chaining of ideas were constructed in such a way as to function as a suggestion of how the classes could be taught, and can be applied to carry out simple analyzes both in schools with few or many technological resources. It is concluded that the material can be used in high school biology classes, from which teachers interested in inserting the tool will have adequate support and that further studies will be carried out demonstrating the application of the manual in the classroom.*

**KEYWORDS:** TIDCs; teaching bioinformatics; active methodology.

**INTRODUÇÃO**

O processo de globalização influencia fortemente na educação, de tal forma que ela busca se adequar aos avanços tecnológicos, utilizando os recursos provenientes deste avanço para o aprimoramento do processo de ensino, com o viés de propiciar atividades pedagógicas inovadoras (SANTOS *et al.*, 2018).

Para Moran (2015), considerando as mudanças ocorridas na sociedade, há um impasse diante da educação formal; o que deve ser feito para que o ensino evolua em conjunto com as grandes mudanças e ainda assim fazer com que todos os alunos consigam aprender, e com isso possam conhecer, realizar seus projetos de vida e conviver com os demais? Para ele, é necessária uma revisão dos processos de organizar o currículo, das metodologias, dos tempos e dos espaços de ensino.

Tendo em vista que a sociedade atual tem como característica a presença cada vez mais acentuada da ciência e da tecnologia no cotidiano, os estudantes da era tecnológica demandam da escola um novo espaço de ensino, um espaço em que possam e sejam capazes de inferir, modificar e produzir, sendo cada vez mais ativos na construção do próprio conhecimento (ABRÃO; ADAMATTI, 2015).

Diante do ambiente carregado de informações que é vivenciado pelos estudantes, faz-se necessário que as escolas incorporem à sua prática pedagógica as tecnologias educacionais, pois quando inseridas no ambiente escolar, desempenham um papel complementar no que diz respeito ao ensino, e se destacam como uma das estratégias que podem despertar a curiosidade dos estudantes (ABRÃO; ADAMATTI, 2015).

A informatização mundial, em especial a inserção de tecnologias da informação nos aspectos culturais, pessoais, profissionais e educacionais possibilitaram aos estudantes usarem essas tecnologias no cotidiano e em sala de aula provocando melhorias na qualidade da educação, quando seu interesse em aprender é intensificado pela utilização de tais recursos (OLIVEIRA; MOURA; SOUSA, 2015; SOUZA *et al.*, 2016).

Embora façam uso frequente de Tecnologias Digitais da Informação e Comunicação (TDICs), em especial de redes sociais e jogos, o poder que essas ferramentas possuem para

a obtenção de conhecimento não é compreendido pelos estudantes. Desta forma cabe ao professor incentivar e orientar o uso das ferramentas e contextualizar os conteúdos curriculares às metodologias mais adequadas para cada assunto a ser trabalhado (BOCILLA; PRETTO, 2015 *apud* LOPES, 2016).

O acompanhamento do professor contribui na formação de indivíduos mais conscientes dos processos de obtenção de conhecimento, que se tornam capazes de estabelecer conexões não percebidas, de superar etapas mais rapidamente e de serem confrontados com novas possibilidades. O professor mediador guia seus estudantes durante o processo de construção do conhecimento para verificar a veracidade, filtrar informações e possibilitar uma melhor experiência (MORAN, 2015).

Sendo assim, a educação deve ser tratada como um processo de formação integral do sujeito, com ênfase na formação humana. Isso significa que durante este percurso formativo o estudante deve ser preparado para viver em sociedade e que os currículos escolares devem focar no desenvolvimento de competências (conjunto de conhecimentos, habilidades e atitudes) (BRASIL, 2018).

O professor mediador, seja no ambiente de sala de aula ou no ambiente virtual, deve possibilitar aos estudantes a aplicação dos conhecimentos adquiridos ao longo de sua vida, para que esses conteúdos possam fazer sentido, estimulando o estudante na busca de significado, possibilitando a aquisição de novos conhecimentos (LIMA; GUERREIRO, 2019).

Os professores devem estar preparados para lidar com os avanços tecnológicos, e devem implementar ferramentas tecnológicas no espaço educacional, com objetivo de promover um melhor aproveitamento desses recursos e de melhorar o entendimento dos estudantes. Sendo assim, a formação de professores deve prepará-los para lidar com o uso das TDICs, para melhorar o entendimento dos estudantes e transformar o espaço de ensino em um ambiente dinâmico e desafiador (OLIVEIRA *et al.*, 2015).

Os recursos tecnológicos favorecem o processo de aprendizagem, pois fornecem instrumentos necessários para a resolução de problemas reais, por exemplo com o uso de softwares específicos, ou ainda ampliam as possibilidades de aquisição de conhecimento dos alunos, com o uso de bancos de dados (BELUSSO; PERUCHIN, 2018). Utilizando algumas ferramentas, como as de bioinformática, os estudantes vivenciam uma atividade científica autêntica e podem desenvolver uma compreensão contextualizada e mais profunda do conhecimento científico, de como esse conhecimento é adquirido, avaliado e determinado (OLIVEIRA *et al.*, 2019; MACHLUF *et al.*, 2017).

O *software Molecular Evolutionary Genetics Analysis* (MEGA), criado para que pesquisas científicas nas mais diversas áreas relacionadas à análise de dados biológicos possam ser realizadas permite a visualização e a análise de sequências proteicas, de genes e genomas completos dos mais diversos organismos, bem como a realização de análises genéticas, especialmente do ponto de vista evolutivo (KUMAR; STECHER; TAMURA, 2016). É uma ferramenta intuitiva e de fácil manuseio, e que mesmo com grande potencial educacional, não há literatura reportando o uso do MEGA na educação básica ou ainda no ensino superior. Por esse motivo, um manual de aulas em que o *software* MEGA é usado como o recurso didático de apoio foi produzido e descrito neste trabalho. A utilização desse *software* por professores como ferramenta de apoio para as aulas de biologia pode servir como recurso para despertar o interesse por carreiras em Ciência, Tecnologia, Engenharia e Matemática (do inglês, *Science Technology, Engineering, Mathematics - STEM*), um maior envolvimento dos estudantes durante as aulas e incentivá-los a seguirem carreiras afins.

## METODOLOGIA

Para uma melhor apresentação, a metodologia foi dividida em três etapas: 1ª etapa levantamento bibliográfico, 2ª etapa planejamento das aulas e 3ª etapa elaboração do manual, que estão descritas a seguir.

### 1ª Etapa: levantamento bibliográfico

Um levantamento bibliográfico foi realizado utilizando as bases de dados do Google Acadêmico (<https://scholar.google.com.br>), Scientific Electronic Library Online - SciELO (<https://www.scielo.org>) e PubMed Central – PMC (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc>), usando as seguintes palavras-chave: bioinformática; ensino médio; aprendizagem e metodologias ativas, em busca de artigos que tivessem relação com o tema do trabalho, bem como para a busca de informações que pudessem ser inseridas no manual.

### 2ª Etapa: planejamento das aulas

Nesta etapa foram definidos, respectivamente: os temas das aulas, os objetivos, os conteúdos, a metodologia (sendo que a metodologia empregada em todas as aulas foi pauta no ensino investigativo) e a avaliação. Os recursos necessários além do próprio MEGA (utilizado como recurso educacional digital) envolveram: computador, sequências de nucleotídeos (ou proteínas) no formato FASTA, buscadas no portal *National Center for Biotechnology Information* (NCBI) (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) e conexão com a internet.

### 3ª Etapa: elaboração do manual

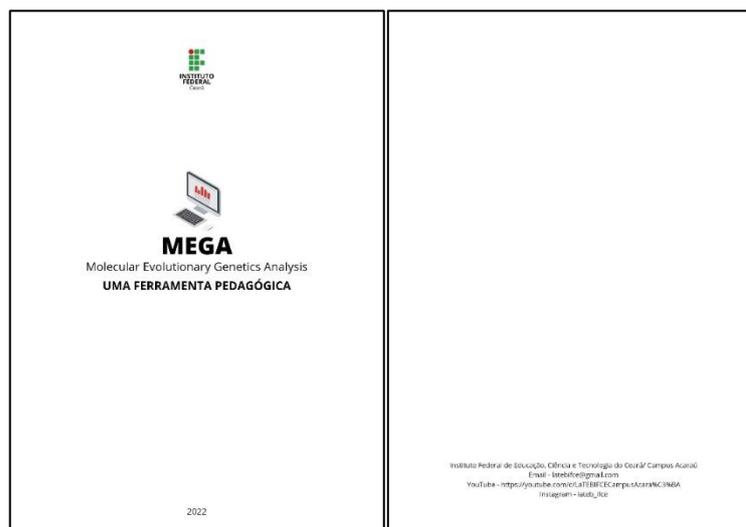
O manual foi elaborado para a utilização em aulas de biologia do ensino médio, contém cinco capítulos e cada um destes representa uma aula, são eles: 1. Download MEGA; 2. Download de Sequências no NCBI; 3. Alinhando Sequências com o MEGA; 4. Analisando Sequências com o MEGA; 5. Construindo Filogenia com o MEGA.

Cada aula foi planejada para durar em média, entre 50 min e 1h e 40 min, mas fica a critério do professor responsável a definição da duração. A metodologia empregada na construção das aulas foi a metodologia investigativa e alguns recursos foram inseridos no manual para favorecer o processo de ensino, como por exemplo, figuras, esquemas e tabelas.

As figuras foram criadas por meio de captura de tela (do inglês, *print*) durante a construção das aulas, recortadas e redimensionadas para uma melhor visualização. Já os dados usados no manual foram coletados no banco de dados NCBI e a análise feita no MEGA, onde foi realizado o alinhamento de sequências, a identificação do melhor modelo evolutivo e a construção de filogenias.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

A partir do levantamento bibliográfico foram encontrados livros, artigos e materiais que serviram de base para a elaboração do manual. O trabalho resultou em um manual de aulas para a aplicação no ensino de biologia (Figura 1), intitulado MEGA *Molecular Evolutionary Genetics Analysis*: uma ferramenta pedagógica, disponível como Material Suplementar, no formato PDF.



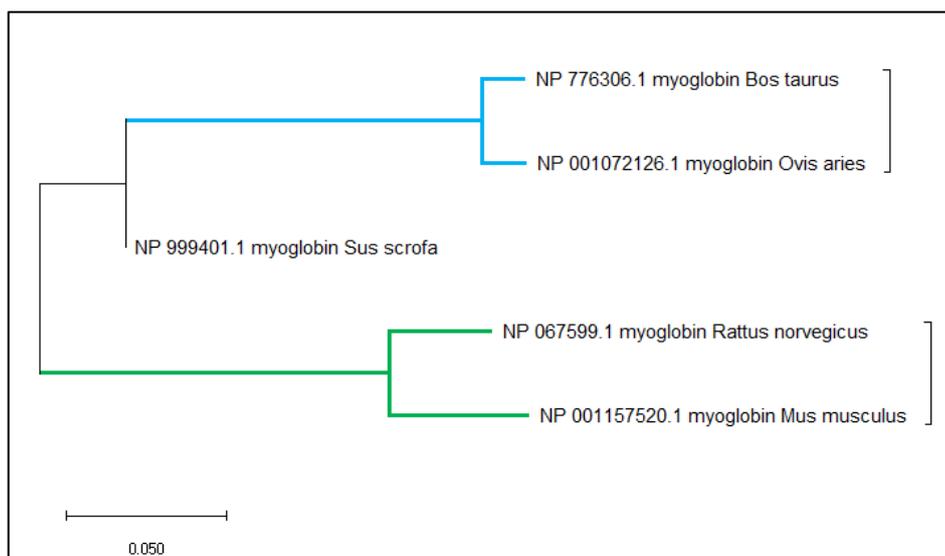
**Figura 1:** Capa do manual

O manual contém 25 páginas, nas quais a utilização de algumas funcionalidades foram apresentadas, como: forma de alinhar sequências (Figura 2), forma para encontrar o melhor modelo evolutivo (Figura 3) e a forma como construir filogenias (Figura 4).

**Figura 2:** Alinhamento de sequências da proteína mioglobina, criado a partir das instruções contidas no manual

Table. Maximum Likelihood fits of 56 different amino acid substitution models																					
Model	Parameters	BIC	AICc	lnL	(+I)	(+G)	$\pi(A)$	$\pi(R)$	$\pi(N)$	$\pi(D)$	$\pi(C)$	$\pi(Q)$	$\pi(E)$	$\pi(G)$	$\pi(H)$	$\pi(I)$	$\pi(L)$	$\pi(K)$	$\pi(M)$	$\pi(F)$	$\pi(P)$
Dayhoff+I	8	1472.828	1435.846	-709.828	0.38	n/a	0.087	0.041	0.040	0.047	0.034	0.038	0.050	0.089	0.034	0.037	0.085	0.081	0.015	0.040	0.051
Dayhoff	7	1472.907	1440.529	-713.191	n/a	n/a	0.087	0.041	0.040	0.047	0.034	0.038	0.050	0.089	0.034	0.037	0.085	0.081	0.015	0.040	0.051
Dayhoff+G	8	1472.979	1435.997	-709.904	n/a	0.57	0.087	0.041	0.040	0.047	0.034	0.038	0.050	0.089	0.034	0.037	0.085	0.081	0.015	0.040	0.051
JTT	7	1476.996	1444.618	-715.235	n/a	n/a	0.077	0.051	0.043	0.051	0.020	0.041	0.062	0.075	0.023	0.053	0.091	0.060	0.023	0.041	0.051
JTT+I	8	1477.717	1440.735	-712.273	0.38	n/a	0.077	0.051	0.043	0.051	0.020	0.041	0.062	0.075	0.023	0.053	0.091	0.060	0.023	0.041	0.051
JTT+G	8	1477.907	1440.926	-712.368	n/a	0.59	0.077	0.051	0.043	0.051	0.020	0.041	0.062	0.075	0.023	0.053	0.091	0.060	0.023	0.041	0.051
Dayhoff+G+I	9	1478.260	1436.679	-709.221	0.51	200.00	0.087	0.041	0.040	0.047	0.034	0.038	0.050	0.089	0.034	0.037	0.085	0.081	0.015	0.040	0.051
WAG	7	1479.583	1447.205	-716.529	n/a	n/a	0.087	0.044	0.039	0.057	0.019	0.037	0.058	0.083	0.024	0.048	0.086	0.062	0.020	0.038	0.046
WAG+I	8	1480.786	1443.804	-713.807	0.38	n/a	0.087	0.044	0.039	0.057	0.019	0.037	0.058	0.083	0.024	0.048	0.086	0.062	0.020	0.038	0.046
WAG+G	8	1480.988	1444.006	-713.909	n/a	0.63	0.087	0.044	0.039	0.057	0.019	0.037	0.058	0.083	0.024	0.048	0.086	0.062	0.020	0.038	0.046
LG+G	8	1481.249	1444.267	-714.039	n/a	0.49	0.079	0.056	0.042	0.053	0.013	0.041	0.072	0.057	0.022	0.062	0.099	0.065	0.023	0.042	0.044
LG+I	8	1481.723	1444.741	-714.276	0.38	n/a	0.079	0.056	0.042	0.053	0.013	0.041	0.072	0.057	0.022	0.062	0.099	0.065	0.023	0.042	0.044
LG	7	1482.023	1449.645	-717.749	n/a	n/a	0.079	0.056	0.042	0.053	0.013	0.041	0.072	0.057	0.022	0.062	0.099	0.065	0.023	0.042	0.044
JTT+G+I	9	1483.293	1441.713	-711.738	0.51	200.00	0.077	0.051	0.043	0.051	0.020	0.041	0.062	0.075	0.023	0.053	0.091	0.060	0.023	0.041	0.051
LG+G+I	9	1486.537	1444.956	-713.360	0.55	200.00	0.079	0.056	0.042	0.053	0.013	0.041	0.072	0.057	0.022	0.062	0.099	0.065	0.023	0.042	0.044
WAG+G+I	9	1486.657	1445.076	-713.420	0.50	200.00	0.087	0.044	0.039	0.057	0.019	0.037	0.058	0.083	0.024	0.048	0.086	0.062	0.020	0.038	0.046
rtREV+G	8	1489.804	1452.822	-718.317	n/a	0.48	0.065	0.045	0.038	0.042	0.011	0.061	0.061	0.064	0.027	0.068	0.102	0.075	0.015	0.029	0.068
rtREV+I	8	1490.665	1453.683	-718.747	0.38	n/a	0.065	0.045	0.038	0.042	0.011	0.061	0.061	0.064	0.027	0.068	0.102	0.075	0.015	0.029	0.068
rtREV	7	1491.362	1458.984	-722.419	n/a	n/a	0.065	0.045	0.038	0.042	0.011	0.061	0.061	0.064	0.027	0.068	0.102	0.075	0.015	0.029	0.068
rtREV+G+I	9	1495.330	1453.750	-717.756	0.55	200.00	0.065	0.045	0.038	0.042	0.011	0.061	0.061	0.064	0.027	0.068	0.102	0.075	0.015	0.029	0.068

**Figura 3:** Quadro dos melhores métodos encontrados, criado a partir das instruções contidas no manual



**Figura 4:** Apresentação da filogenia criada através do método de Máxima Verossimilhança, criada a partir das instruções contidas no manual

A sequência de capítulos e o encadeamento das ideias no manual foram construídos de tal maneira a funcionar como sugestão de como poderão discorrer as aulas. Entretanto, incentivamos o professor que decide aplicar o manual em sala de aula a ter autonomia para inserir informações durante a aula ou adequar os passos sugeridos de acordo com os objetivos traçados e levando em consideração o contexto ao qual está inserido.

Com esse material e a partir de sua execução em sala de aula, os estudantes poderão inferir sobre os resultados encontrados em uma análise que eles mesmos realizem, e para promoção do desenvolvimento do senso crítico do estudante, deve ser aplicado através de uma metodologia de aprendizagem pautada no ensino investigativo, como sugere a Base Nacional Comum Curricular (BNCC), que propõe a superação da fragmentação radical disciplinar do conhecimento e o estímulo à sua aplicação na vida real, assim como menciona a importância do contexto para dar sentido ao que se aprende e promover o protagonismo do estudante em sua aprendizagem e na construção de seu projeto de vida (BRASIL, 2018).

Deve-se observar que mesmo com as sugestões feitas no manual e com as possíveis alterações e inserções autônomas feitas pelo professor, o material deve estar adequado conforme o nível de escolaridade dos estudantes, tendo em vista que os conteúdos que são discutidos fazem parte dos conteúdos que os estudantes devem aprender no ensino médio de acordo com a BNCC (BRASIL, 2018; ALEIXO; CALVO; NOVELLI, 2021).

O parágrafo único, do capítulo dois, artigo 5º do Conselho Nacional de Educação (CNE), que retrata os fundamentos e política para a formação docente, define que a inclusão dos conhecimentos produzidos pelas ciências para a educação, contribuem com os processos de ensino e aprendizagem, e que devem ser adotadas estratégias e recursos pedagógicos, que deverão ter como base esses processos. Essas estratégias e recursos devem favorecer o desenvolvimento de saberes e eliminar as barreiras que limitam o acesso ao conhecimento (BRASIL, 2019).

Diante desse cenário, as Metodologias Ativas (MA) podem ser uma alternativa para atingir as competências e habilidades, tratadas na BNCC. Esses métodos se aplicam dentro de uma percepção de estímulo à autonomia dos estudantes no processo de aprendizagem, pois desenvolvem esse processo contextualizando as diferentes práticas sociais e além do

potencial de despertar a curiosidade dos estudantes, a implementação dessas metodologias favorecem a autonomia e o fortalecimento da percepção deles (PIFFERO *et al.*, 2020).

Todavia, estratégias ativas de aprendizagem devem estar vinculadas com o projeto institucional, bem estruturadas, adequadas aos objetivos propostos e devem favorecer o processo de construção de conhecimento dos estudantes. O objetivo da aplicação destas estratégias, ou seja, sua contribuição com a aprendizagem, deve estar clara aos estudantes, não podendo ser encarado como um momento apenas de diversão, sem alinhamento com o contexto do projeto pedagógico e desconectado dos conteúdos que devem ser trabalhados (OLIVEIRA *et al.*, 2017).

Piffero *et al.* (2020), afirmam que as metodologias ativas constituem alternativas pedagógicas que colocam o foco do processo de ensino e de aprendizagem no aprendiz, envolvendo-o na aprendizagem por descoberta, investigação ou resolução de problemas. Sendo assim, a ação mediadora dos professores e a reorganização das estratégias pedagógicas escolares tornam-se fundamentais. Essa mediação provoca não só a colaboração, a cooperação e habilidades que promovem o protagonismo do estudante, como também facilitam o diálogo e a construção do conhecimento. Dessa forma, pode-se perceber que a aplicação das metodologias ativas promove uma aprendizagem ativa quando envolvem o estudante na busca de seu conhecimento.

Portanto, o manual pode ser considerado um recurso para a aplicação de uma metodologia ativa de aprendizagem, usando uma ferramenta da bioinformática, o MEGA. Para Freire *et al.* (2018), a bioinformática é uma área interdisciplinar do conhecimento, cujo objetivo é empregar técnicas computacionais, físicas e matemáticas para avaliar, gerar e gerenciar informações biológicas (FREIRE *et al.*, 2018).

Aprender por meio de atividades ou simulações de pesquisa, utilizando ferramentas da bioinformática, pode complementar e expandir a compreensão do conteúdo biológico, bem como expor os estudantes a novas informações, novas tecnologias e diferentes pedagogias. Além disso, pode também promover o reconhecimento das práticas de investigação, ajudar os estudantes a refletirem sobre a complexidade dos processos cognitivos e epistemológicos que norteiam a investigação autêntica, sendo sua aplicação extensível do ensino médio à universidade (GELBART; YARDEN, 2006; HOLTZCLAW *et al.*, 2006; GRISHAM *et al.*, 2010; VIA *et al.*, 2011).

De acordo com Kovarik *et al.* (2013), muitas ferramentas de bioinformática usadas por cientistas estão disponíveis gratuitamente e podem ser prontamente implementadas em ambientes de ensino médio com pouco ou nenhum custo inicial. Essa implementação fornece aos alunos a vivência de uma pesquisa científica autêntica por propiciar aos estudantes a utilização de ferramentas e bancos de dados da bioinformática utilizados por cientistas em atividade. E essa experiência em conjunto com a construção sequencial de habilidades de aula, aumentam o senso de autoeficácia dos estudantes.

Já para Machluf *et al.* (2017), o uso de ferramentas da bioinformática pode orientar os estudantes a serem capazes de usar seus modelos mentais para explicar e prever fenômenos naturais. Uma explicação ou previsão correta, apoiada tanto no uso de ferramentas e bancos de dados de bioinformática quanto à luz do modelo biológico, representa essa integração.

Mas a bioinformática é um campo complexo, necessitando de amplas habilidades procedimentais para usar ferramentas e bancos de dados, juntamente com conhecimento factual e pensamento estratégico (MACHLUF *et al.*, 2017). Desta forma, o manual fornece conceitos e uma estruturação para análises simples e de primeiro contato entre o leitor e a ferramenta, contendo inferências e não conclusões, não sendo indicado para realização de

análises mais complexas, pois para isso seria necessário um nível mais elevado de aprofundamento de conhecimentos prévios que não são abordados no ensino médio.

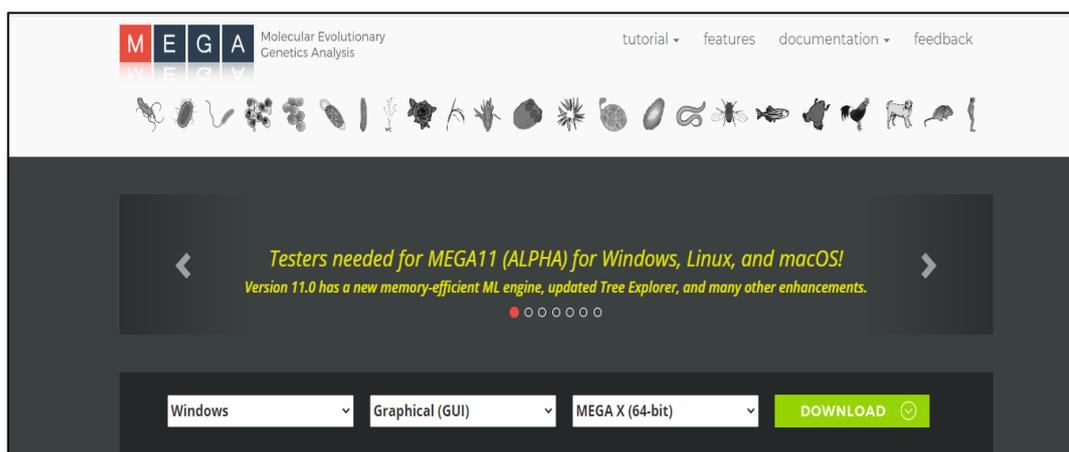
O MEGA é uma das ferramentas da bioinformática que propicia que aulas possam ocorrer de forma integrada entre os componentes curriculares; por exemplo, a interface do *software* (Figura 5) é na língua inglesa, algoritmos matemáticos estão por trás das análises e os dados usados nas análises são dados biológicos. Desta forma, os estudantes poderão perceber as relações que existem entre esses diferentes campos de conhecimento.



**Figura 5:** Tela inicial do software MEGA com suas funcionalidades

Fonte: [www.megasoftware.net](http://www.megasoftware.net).

O *software* pode ser baixado nos PCs dos professores e seu funcionamento independe de conexão com a internet. Sendo assim, mesmo que a escola de atuação do professor não tenha salas de informática ou conexão com a internet, desde que o professor já tenha realizado o *download* do *software* (Figura 6) e das sequências biológicas para a análise, não terá problema para executar a análise junto com os estudantes em sala de aula, com o PC pessoal e um projetor.



**Figura 6:** Download do *software* MEGA para o sistema operacional *Windows*

Fonte: [www.megasoftware.net](http://www.megasoftware.net).

Um embate que rodeia a produção deste material é a questão de que os bancos de dados e *softwares* estão em constante avanço e passam por mudanças constantemente; sendo assim, o manual permanecerá estagnado?

É fato que o conhecimento como um todo é dinâmico; por exemplo, existem conteúdos que demoram anos para chegar à sala de aula mesmo depois de descobertos e muitos deles nem ao menos chegam. O uso de ferramentas da bioinformática na educação pode colaborar também para acelerar a chegada de conhecimentos recém produzidos à sala de aula.

O manual apresenta algumas vantagens. Uma vez que está disponível para *download* no formato de *e-book* em PDF, pode ser salvo no PC sem a necessidade de impressão. Além disso, o software MEGA é livre, não gerando custos ao usuário e os dados contidos no NCBI são gratuitos e de domínio público.

De acordo com Menezes *et al.* (2020), o uso de *e-books* favorece o processo de ensino-aprendizagem pelo dinamismo e versatilidade possível de se obter com a aplicação do recurso, uma vez que pode apresentar imagens, *hiperlink* de vídeos, jogos, entre outros recursos, além de levar em consideração a preocupação ambiental, não utilizando papel no processo.

O ideal seria que as aulas fossem aplicadas em uma sala em que todos os estudantes pudessem manipular um PC, mas para as muitas escolas brasileiras que não têm a estrutura tecnológica necessária, por exemplo, uma sala de informática em funcionamento, o professor pode discorrer a aula usando seu computador/*notebook* pessoal, com o critério de que utilize um equipamento para projetar para os estudantes e dessa forma os eles acompanhem as análises e as sequências de passos que o professor realiza.

Segundo Avelino e Mendes (2020), a falta de infraestrutura das escolas é um dos problemas que o Brasil vem enfrentando ao longo dos anos, que contribui para a má qualidade da educação, assim como a falta de formação continuada de parte dos professores. O primeiro passo para a integração tecnológica é a implantação e o acesso amplo aos equipamentos tecnológicos necessários para execução de programas educacionais de computador. Aos professores, deve ser dada a oportunidade de um desenvolvimento profissional eficaz para o uso de novas tecnologias, caso contrário, mesmo inserindo recursos tecnológicos no âmbito educacional, eles não serão capazes de usá-los em todo o seu potencial (JOHNSON *et al.*, 2016).

A formação inicial de professores deveria dar conta minimamente de um repertório de conhecimentos, fornecendo as bases iniciais para que consigam exercer a profissão, e para que possam também refletir criticamente sobre esses conhecimentos. Mas a utilização da tecnologia ainda é desafio para muitos dos professores, tendo em vista que muitos não têm domínio das ferramentas tecnológicas (OLIVEIRA *et al.*, 2015; MONTEIRO E FONTOURA, 2017).

A pandemia da COVID-19 requereu dos professores a manipulação constante e domínio de certas TDICs, e esta nova realidade repentina deixou claro o despreparo de muitos dos profissionais com relação ao uso destas tecnologias. Tendo em vista que estão na linha de frente da educação, é necessário equipar os professores com as competências necessárias para que eles possam explorar plenamente o potencial das tecnologias digitais (LUDOVICO *et al.*, 2020).

Em uma pesquisa com licenciandos e licenciados em Ciências Biológicas, foram observadas limitações quanto ao uso de ferramentas da bioinformática; falta de experiência/conhecimento dos docentes, engessamento curricular e falta de infraestrutura de parte das escolas (MORAES; CEZAR-DE-MELO, 2021). De acordo com Morais e Cezar-de-Mello (2021), os resultados indicaram que os professores reconhecem as potencialidades da bioinformática enquanto recurso didático. Em contrapartida, eles não apresentam formação

adequada para a utilização, e que, para a resolução deste problema, seria necessária a oferta de treinamento para o uso de suas ferramentas.

Embora não seja fonte definitiva para os professores, o manual aborda conceitos básicos que permitirão um aprofundamento da bioinformática e suas aplicações, na ciência e nas suas próprias aulas. A partir da utilização do manual por parte dos professores, os estudantes poderão perceber a relação que há entre os conteúdos trabalhados durante as aulas de biologia e áreas relacionadas, a partir dos dados usados no MEGA. Além disso, os estudantes também poderão perceber a aplicabilidade dos conteúdos estudados, isso poderá estimulá-los a seguirem carreiras afins (KOVARIK *et al.*, 2013).

Com base em conhecimentos biológicos e experiências com modelos científicos, os estudantes poderão fazer seus próprios modelos mentais de fenômenos científicos para mostrar sua compreensão. Esses modelos mentais podem servir como ferramentas explicativas ou ser usados para formular teorias e fazer previsões (TREAGUST; CHITTLEBOROUGH; MAMIALA, 2002).

O engajamento em uma simulação de pesquisa científica autêntica requer integração contínua de fatos científicos e procedimentos de bioinformática enquanto raciocinam cientificamente e tomam decisões (GELBART; YARDEN, 2006; GELBART; YARDEN, 2011). A capacidade de coordenar e usar diferentes dimensões do conhecimento, e principalmente o conhecimento estratégico, estão no cerne da realização de pesquisas científicas autênticas. Essa coordenação não é normalmente encontrada em tarefas escolares regulares e requer apoio e orientação do professor (CHINN; MALHOTRA, 2002; FALK; YARDEN, 2009; YARDEN, 2009; GELBART; YARDEN, 2011).

Com base nas descobertas de Machluf *et al.* (2017), sobre as dificuldades dos estudantes, a discrepância observada entre o desempenho dos estudantes e as previsões dos professores, recomendam o ensino da bioinformática de uma forma integrativa e abrangente, e vinculado ao currículo de ciências mais amplo.

## CONCLUSÃO

O manual produzido poderá auxiliar professores do ensino médio em suas aulas relacionadas ao componente curricular de biologia, de acordo com uma metodologia ativa de aprendizagem. Está disponível como Material Suplementar, onde tanto professores quanto estudantes que estiverem interessados poderão acessar gratuitamente.

Esse recurso pode ser o passo inicial, para que os professores interessados em inserir ferramentas da bioinformática em suas aulas possam se sentir seguros para a aplicação de uma metodologia investigativa no ensino de biologia do ensino médio. Sugerimos que esse material seja inserido em sala de aula e que os resultados da inserção possam ser coletados, analisados e publicados em um estudo posterior.

## REFERÊNCIAS

- ABRÃO, R. K.; ADAMATTI, D. F. As novas tecnologias da informação e comunicação e a atividade experimental no ensino de ciências. **Revista Linhas**: Florianópolis, v. 16, n. 31, p. 305-324, 2015.
- ALEIXO, C. R. L.; CALVO, L. C. S.; NOVELLI, J. Prointe – Inglês: contexto de aprendizagem e desenvolvimento da identidade docente. **Revista Brasileira de Linguística Aplicada**. v. 21, n. 1, 2021.

AVELINO, W. F.; MENDES, J. G. A realidade da educação brasileira a partir da covid-19. **Boletim de Conjuntura (BOCA)**: Boa Vista, v. 2, n. 5, p. 56-62, 2020.

BELUSSO, R.; PERUCHIN, D. Modificações no processo de aprendizagem com a inserção de tecnologias digitais na educação. **Revista de Educação Ciência e Tecnologia**, v. 7, n. 1, p. 1–17, 2018.

BRASIL (2018). **Base Nacional Comum Curricular**: educação é a Base. [http://basenacionalcomum.mec.gov.br/images/BNCC\\_EI\\_EF\\_110518\\_versaofinal\\_site.pdf](http://basenacionalcomum.mec.gov.br/images/BNCC_EI_EF_110518_versaofinal_site.pdf)

BRASIL. Resolução CNE/CP 2/2019. Diário Oficial da União, Brasília, 15 de abril de 2020, Seção 1, p. 46-49, 2019. [http://portal.mec.gov.br/index.php?option=com\\_docman&view=download&alias=135951-rcp002-19&category\\_slug=dezembro-2019-pdf&Itemid=30192](http://portal.mec.gov.br/index.php?option=com_docman&view=download&alias=135951-rcp002-19&category_slug=dezembro-2019-pdf&Itemid=30192)

CHINN, C. A.; MALHOTRA, B. A. Epistemologically authentic inquiry in schools: a theoretical framework for evaluating inquiry tasks. **Science Education**, v. 86, p. 175–218, 2002.

FALK, H.; YARDEN, A. Here the scientists explain what I said. Coordination practices elicited during the enactment of the Results and Discussion sections of adapted primary literature. **Research in Science Education**, v. 39, p. 349–83, 2009.

FREIRE, C. M. A. S. *et al.* Proposta pedagógica em prática no ensino de bioquímica: Aproveitamento de softwares livres como facilitador do processo de ensino e de aprendizagem. **Revista Thema**, v. 15, n. 4, p. 1442-1455, 2018.

GELBART, H.; YARDEN, A. Learning genetics through an authentic research simulation in bioinformatics. **Journal of Biological Education**, v. 40, p. 107–12, 2006.

GELBART, H.; YARDEN, A. Supporting learning of high-school genetics using authentic research practices: the teacher's role. **Journal of Biological Education**, v. 45, p. 129–35, 2011.

GRISHAM, W., *et al.* Teaching Bioinformatics and Neuroinformatics by Using Free Web-based Tools. **CBE Life Science Education**, v. 9, p. 98–107, 2010.

HOLTZCLAW, J. D. *et al.* Incorporando um novo componente de bioinformática à genética em uma faculdade historicamente negra: resultados e lições. **CBE Life Science Education**, v. 5, p. 52–64, 2006.

JOHNSON, A. *et al.* Challenges and solutions when using technologies in the classroom. In S. A. Crossley & D. S. McNamara (Eds.) **Adaptive educational technologies for literacy instruction**. New York: Taylor & Francis, p. 13-29, 2016.

KOVARIK, D. N. *et al.* Bioinformatics education in high school: implications for promoting science, technology, engineering, and mathematics careers. **CBE Life Science Education**, v. 12, n. 3, 2013.

KUMAR, S.; STECHER, G.; TAMURA, K. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets. **Molecular biology and evolution**, v. 33, n. 7, p. 1870–1874, 2016.

LIMA, M. B. R. M.; GUERREIRO, E. M. B. R. Perfil do professor mediador: proposta de identificação. **Educação** (UFSM), v. 44, p. 1–27, 2019.

LOPES, L. A. Olhar digital na escola: a cibercultura nas aulas de Biologia em uma escola da periferia de Canoas, RS. **Tecnologias na Educação**, v. 14, p. 1–12, 2016.

LUDOVICO, F. M. *et al.* Covid-19: desafios dos docentes na linha de frente da educação. **Revista Interface Científica - Educação**, v. 10, n. 1, p. 58–74, 2020.

MACHLUF, Y. *et al.* Making authentic science accessible-the benefits and challenges of integrating bioinformatics into a high-school science curriculum. **Briefings in Bioinformatics**, v. 18, n. 1, p. 145–159, 2017.

MENEZES, J. B. F. *et al.* Criação e aplicabilidade de recursos tecnológicos no ensino de biologia. **Revista Prática Docente**, v. 5, n. 3, p. 1964-1979, 2020.

MONTEIRO, F. M. A.; FONTOURA, H. A. Pesquisa, formação e docência: processos de aprendizagem e desenvolvimento profissional docente em diálogo. **Sustentável: Cuiabá-MT**, 2017.

MORAES, I. O.; CEZAR-DE-MELO, P. F. T. O que pensam os docentes sobre o uso da bioinformática no ensino de biologia. **Revista Brasileira do Ensino e Ciência e Tecnologia**: Ponta Grossa, v. 14, n. 2, p. 75-94, 2021.

MORAN, J. Mudando a educação com metodologias ativas. **Convergências Midiáticas, Educação e Cidadania: aproximações jovens**, v. 2, p. 15–33, 2015.

OLIVEIRA, A. *et al.* Emerging technologies as pedagogical tools for teaching and learning science: a literature review. **Human Behavior and Emerging Technologies**, v. 1, n. 2, p. 149–160, 2019.

OLIVEIRA, C.; MOURA, S. P.; SOUSA, E. R. TIC's na educação: a utilização das tecnologias da informação e comunicação na aprendizagem do aluno. **Pedagogia em Ação**, v. 7, n. 1, 75–95, 2015.

OLIVEIRA, M. C. S. A. C. *et al.* Estratégias ativas de aprendizagem e o desenvolvimento de competências técnicas e atitudinais. **Revista Ensaios Pioneiros**, v. 1, n. 1, p. 139–152, 2017.

PIFFERO, E. L. F. *et al.* Metodologias ativas e o ensino de Biologia: desafios e possibilidades no novo Ensino Médio. **Ensino e Pesquisa**, v. 16, n. 2, 2020.

SANTOS, F. M. *et al.* Análise do uso dos recursos tecnológicos como metodologia no ensino-aprendizagem. **Revista Espacios**, v. 39, n. 23, p. 5-16, 2018.

SOUZA, D. A. *et al.* O uso dos recursos tecnológicos nas escolas públicas no município de Bragança Paulista-SP. **Simpósio de Excelência em Gestão e Tecnologia**: São Paulo: UNESP, v. 1, n. 1, p. 1–16, 2016.

TREAGUST, D. F. *et al.* Students' understanding of the role of scientific models in learning science. Int. **Journal Science Education**, v. 24, p. 357–68, 2002.

VIA, A. *et al.* Ten Simple Rules for Developing a Short Bioinformatics Training Course. **PLoS Computational Biology**, v. 7, n. 10, 2011.

YARDEN, A. Guest editorial - reading scientific texts: adapting primary literature for promoting scientific literacy. **Research Science Education**, v. 39, p. 307–11, 2009.



Revista  
Ciências & Ideias