



## CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

### Proposta pedagógica em prática no ensino de Bioquímica na modalidade a distância: aproveitamento de softwares livres como facilitador do processo de ensino e de aprendizagem

#### *Pedagogical proposal in practice in the teaching of Biochemistry in the distance modality: use of free software as a facilitator of the teaching and learning process*

Cindy Magda Araújo dos Santos Freire<sup>1</sup>; Suelen Carneiro de Medeiros<sup>2</sup>; José Gerardo Carneiro<sup>3</sup>; José Edvar Monteiro Júnior<sup>2</sup>; José Ednézio da Cruz Freire<sup>2</sup>

## RESUMO

A Bioinformática é entendida como uma área interdisciplinar do conhecimento, cujo objetivo é empregar técnicas computacionais, físicas e matemáticas para avaliar, gerar e gerenciar informações biológicas. Desse modo, este trabalho tem por objetivo incentivar o uso contínuo de softwares de Bioinformática durante a disciplina de Bioquímica na modalidade a distância por meio do uso de um guia sumarizado, o qual poderá ser empregado durante as práticas educativas. Este guia constitui-se em um modelo didático que faz uso do banco de dados públicos (NCBI) e softwares de Bioinformática com acesso livre.

**Palavras-chave:** *Tecnologia da Informação. Recursos computacionais. Servidores livres. Bioinformática*

## ABSTRACT

*Bioinformatics can be understood as an interdisciplinary field of knowledge, whose goal is to use computational techniques, physics and mathematics to evaluate, create and manipulate biological information. Thus, this work aims to encourage the continued use of Bioinformatic softwares during ministrations of long distance courses of Biochemistry by making use of a summarized guide presented here which may be employed during the practical activities. This guide constitutes an educational model based on the use of the public data bank (NCBI) and open-source Bioinformatic softwares.*

**Keywords:** *Information Technology. Computing resources. Free software. Bioinformatic.*

## 1. INTRODUÇÃO

O emprego das tecnologias digitais no ensino básico apresenta-se com intuito de beneficiar uma aprendizagem significativa através de métodos e práticas que viabilizem a construção do conhecimento. Entretanto, é de grande importância a capacitação dos educadores, quanto aos recursos tecnológicos disponíveis, sejam eles presentes na escola ou de forma virtual.

Nos últimos anos, tem-se notado que inúmeras ferramentas computacionais utilizadas como materiais didáticos combinados com sistemas de comunicação têm ajudado de maneira significativa o aprendizado (ARRUDA; ARRUDA, 2015). Neste sentido, inúmeros recursos computacionais disponíveis

<sup>1</sup> UniNassau- Faculdade Maurício de Nassau – Fortaleza/CE – Brasil.

<sup>2</sup> UFC – Universidade Federal do Ceará, Fortaleza/CE – Brasil.

<sup>3</sup> IFCE – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Ceará, Fortaleza/CE – Brasil.

*online*, têm sido utilizados como veículos disseminadores e condutores do processo de ensino e de aprendizagem, apesar de o sucesso estar intimamente relacionados à confiabilidade e ao suporte tecnológico utilizado (NÓBREGA *et al.*, 2018; SOUZA; MARCELINO; FORTUNATO, 2018).

Para Ferreira e colaboradores (2014), a disciplina de Bioquímica, mesmo em cursos a distância é muito complexa, devido à grande quantidade de conceitos inerentes a temática especialmente, aqueles conceitos associados a aspectos químicos, muitas vezes considerados abstratos e difíceis de serem compreendidos. Neste contexto, *softwares* de Bioinformática, embora não explorado na educação a distância, têm sido aceitos em diferentes instituições de ensino no Brasil como ferramenta educacional, uma vez que é possível a obtenção de inúmeras simulações de casos reais, permitindo aos alunos envolvidos, a oportunidade de associar o conhecimento teórico à realidade através da prática em ambiente virtual (MORÉS, 2018).

Diante dessa grande oportunidade, há alguns *softwares* de Bioinformática disponíveis na *World Wide Web* gratuitamente, sendo necessário para utilizar, apenas disponibilidade de planejamento de educadores envolvidos e de *internet* disponível na instituição de ensino (OLIVEIRA; MARQUES; SCHRECK, 2017; AZEVEDO, 2018). Assim, o objetivo deste trabalho é apresentar um guia prático para aulas de Ciências, Biologia e Química em cursos de graduação à distância, empregando ferramentas de Bioinformática disponíveis gratuitamente. Para esse propósito foram utilizados os *softwares*: *Translate Toll*, *Compute pI/Mw tool*, *SignalP 4.1*, *NetNGlyc 1.0*, *YinOYang 1.2*, *NetPhos 2.0*, *NetAcet 1.0*, *CPHmodels 3.2* e o *Pymol*.

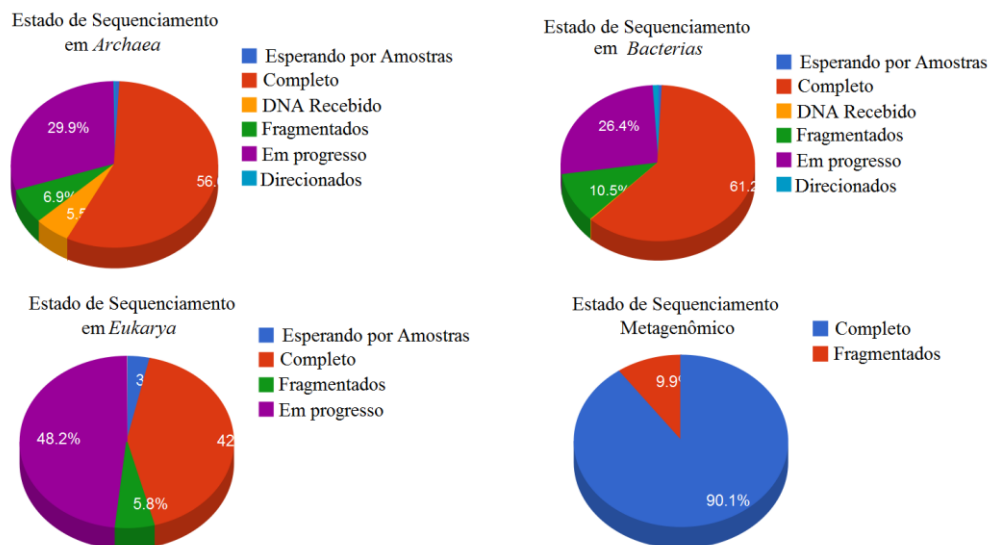
A escolha destes servidores ocorreu pois são de fácil manuseio e interpretação dos resultados obtidos. Embora seja necessário *internet* disponível, cada servidor não leva mais que 2 minutos para executar cada predição, sendo possível realizar todas estas propostas em 30 minutos. No entanto, esta atividade deve obedecer a três etapas: **(I)** Planejamento previamente do docente; **(II)** Lançar a proposta aos discentes que deverão realizar todas as análises como estudo em casa; e **(III)** Discutir o significado de cada resultado obtido junto com os alunos envolvidos.

## 2. FUNTAMENTAÇÃO TEÓRICA

Embora a maioria dos jovens estudantes associe a descoberta dos ácidos nucleicos aos pesquisadores James D. Watson e Francis H. Crick em 1953, este episódio científico aconteceu em 1869, quando o bioquímico suíço Friedrich Miescher (1844-1895) isolou de núcleos de células, chamando-o de nucleína (DAHM, 2005). Sendo, mais tarde em 1889, o termo nucleína modificado para ácido nucleico (ADN ou DNA) por um de seus discípulos, Richard Altmann (DAHM, 2005). Entretanto, sua estrutura foi somente elucidada em 1953 por Watson e Crick e descrita detalhadamente no artigo intitulado *A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid* (WATSON; CRICK, 1953).

O DNA, como é mais conhecido, trata-se de uma molécula intimamente relacionada com o armazenamento da informação genética em todos os organismos, sendo por esse motivo o principal foco de estudo em muitos laboratórios e pesquisas no mundo. Com o advento dos métodos e processos de sequenciamento de DNA, inicializados na década de 70 (FARIAS; CHACON; SILVA, 2012), houve um aumento substancial do volume de dados biológicos (FIGURA 1), a qual precisava ser organizada, forçando lateralmente o avanço nas tecnologias computacionais aplicadas a sistemas biológicos.

**Figura 1** – Evolução no número de genomas sequenciados até março de 2017.



Informações disponíveis na plataforma GOLD (<http://www.genomesonline.org>).

Diante da grande quantidade de informações envolvendo genes e proteínas em diferentes Banco de Dados Públicos incluindo, o NCBI – **National Center for Biotechnology Information** (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ncbisearch/>), não só docentes e alunos de cursos superiores, mas também aqueles envolvidos com o Ensino Básico têm a oportunidade de manipular estes dados, a fim de organizar, compreender, bem como realizar pesquisas básicas a fim de descrever padrões existentes entre diferentes organismos. Sendo possível visualizar uma grande oportunidade de estudo dinâmica e aplicável na escola secundária, seja ela pública ou privada.

Em virtude desta possibilidade, tem-se discutido muito a respeito das Tecnologias da Informação e Comunicação (TIC), nos vários segmentos da sociedade (KIKUICHI; QUEIROZ, 2018; MOTA *et al.*, 2018) e, principalmente nos discursos de Ensino e Aprendizagem (LACERDA, 2018; SOUSA; BORGES, 2018). Entretanto, em muitas instituições de ensino, tem permanecido uma grande distância entre os termos que envolvem as TIC e educação, sobretudo as mulheres consideradas menos incluídas digitalmente do que os homens (FERREIRA; FREITAS; MOREIRA, 2017; BARBOSA; CARVALHO; LÓPEZ, 2018), apesar de vivenciarmos, de diversas maneiras, a oportunidade de criar ou implantar novas tecnologias Computacionais nas mais variadas áreas do conhecimento. Nesse cenário, a Bioinformática ou Biologia Computacional, com origens em meados da década de 1980 (FANDO; KLAVDIEVA, 2018), tem superado inúmeras fronteiras das ciências, promovendo, analisando e apresentando novos dados biológicos, de maneira eficiente e dinâmica, com especial destaque as temáticas que envolvem o DNA (ácido desoxirribonucleico), o RNA (ácido ribonucleico) e as proteínas.

No Brasil, a Bioinformática, tem sido utilizada com intuito educativo somente em alguns poucos cursos de graduação. Dentre eles se destacam aqueles inclusos nas Ciências Biológicas, Ciências da Computação e Matemática (FARIAS; CHACON; SILVA, 2012; BANDIERA-PAIVA, 2014). A Bioinformática trata-se de uma ciência arraigada no conceito e na aplicação de ferramentas Computacionais com objetivo de adquirir, organizar e analisar informações associadas a moléculas de interesse biológico (ANDRADE; SANDERT, 1997; PROSDOCIMI *et al.*, 2002; OLIVA, 2008). A Bioinformática não apenas possui bases de dados e instrumentos para auxiliar os professores/pesquisadores, como também pode ser utilizada para fins educacionais prevendo sequências, função e estrutura de proteínas de interesse, especialmente na escola secundária. Além

disso, o emprego da Bioinformática no ensino médio e superior, poder ser desenvolvido sob óptica da iniciação científica, durante eventos tradicionais como as feiras de ciências.

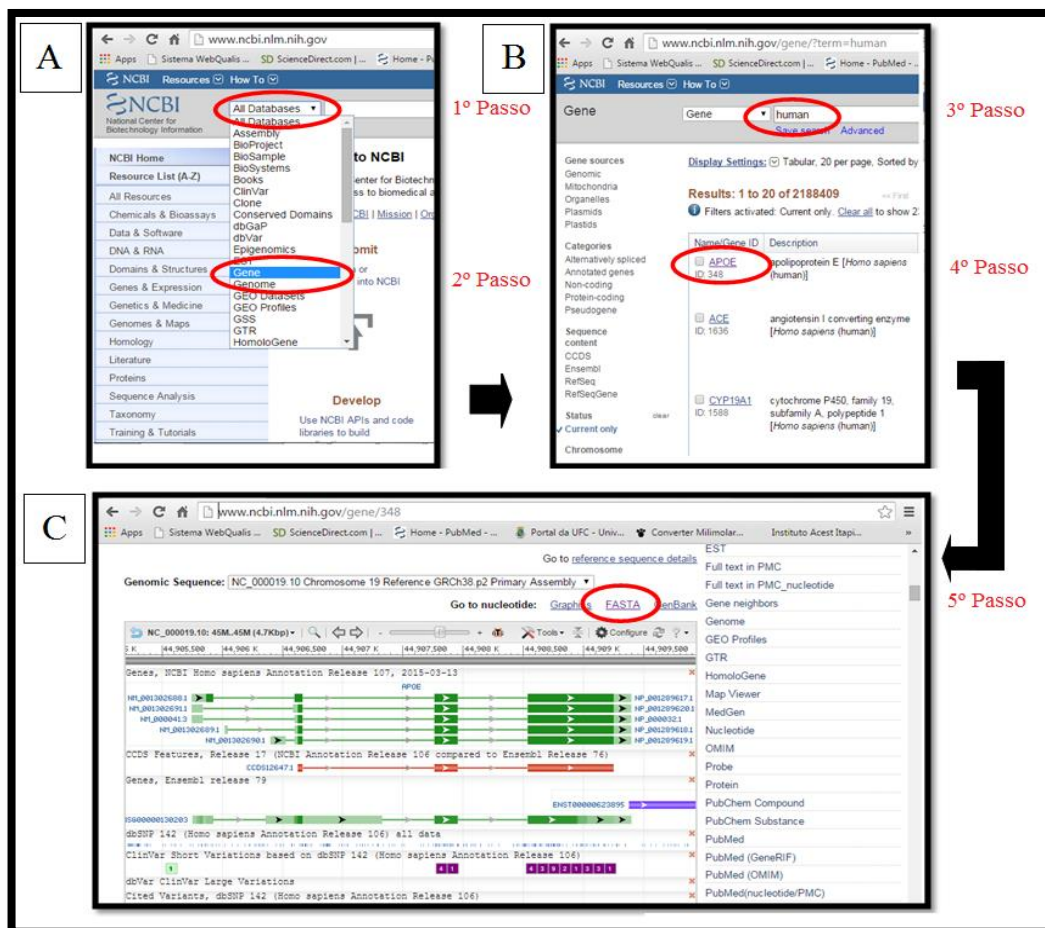
Os diversos usos TIC's na educação têm como princípio resgatar uma aprendizagem significativa para os estudantes, através de uma nova óptica por parte dos docentes, de modo a viabilizar a construção e assimilação dos diferentes conceitos sobre os conteúdos que estão sendo apresentados. Assim, a Bioinformática nos últimos anos, tem despontado no horizonte educacional com interesse, porém, com muita inquietação em muitos profissionais da educação, sobretudo, em séries do Ensino Médio e Técnico.

### 3. METODOLOGIA

#### 3.1. Seleção do Molde

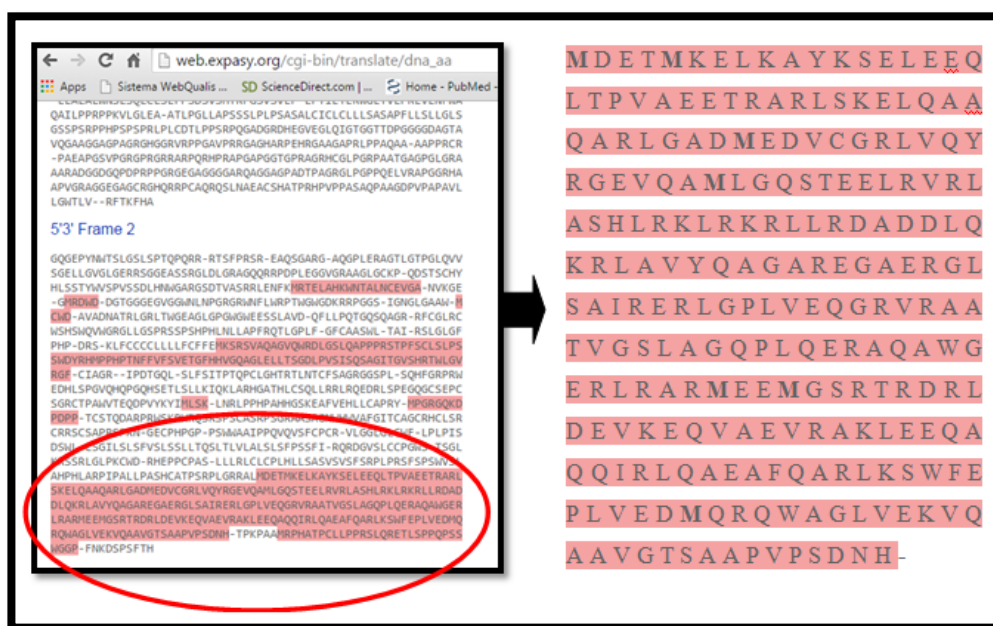
Neste trabalho selecionamos o gene da APOE (Apolipoproteína E do homem), sendo utilizada esta informação para todas as análises propostas. Para obter a sequência completa do gene APOE, foi necessário acessar a plataforma do *National Center for Biotechnology Information* (NCBI), no endereço eletrônico <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>, de acordo a figura 2. É oportuno, neste momento, ressaltar a importância dos conceitos da língua inglesa, para facilitar execução deste trabalho. Os envolvidos poderão utilizar as ferramentas do *Google Tradutor* (<https://translate.google.com.br/?hl=pt-BR>).

**Figura 2** – Busca do gene APOE do homem. Painel A – Seleção da opção *gene*; Painel B – Seleção do organismo e gene de interesse; Painel C - *Display* com a opção de download da sequência em formato *.fasta*.



De posse da sequência do gene da APOE humana, esta foi submetida à análise pelo *software Translate Tool* do *ExpASy*, a fim de determinar a região da sequência que codifica a proteína APOE madura. Este servidor é um instrumento *online* que permite a tradução de uma sequência de nucleotídeos (DNA/RNA) para uma sequência de aminoácidos, podendo determinar com precisão a região que codifica um peptídeo ou uma proteína. Para esse propósito, após a sequência completa do gene APOE ter sido submetida ao *software Translate Tool*, no ícone *Output format*, foi selecionada a opção *Compact ("M", "-", no spaces)*, e no ícone *Genetic code* foi selecionado a opção *Standard*. Em seguida, foi executada a análise em *TRANSLATE SEQUENCE*. O *software Translate Tool* direciona para uma nova página com seis *frames* (quadros de leitura aberta), então será selecionado dentre os 6 *frames* o *frame 2*, sentido 5'→3', devido a ser a maior sequência em apresentada pelo *software* grifada em vermelho (FIGURA 3).

**Figura 3** – Sequência da proteína APOE humana obtida com auxílio do *software* do *ExpASy Translate Tool*.



Este servidor retorna ao usuário *frames* com tamanhos variados (regiões da sequência marcadas em cor vermelha ou não), sendo o *frame* que codifica uma proteína, aquele que apresenta a maior sequência de aminoácidos marcada em cor vermelha (somente a maior sequência marcada em vermelho interessa, pois regiões não marcadas ou pequenas regiões marcadas normalmente constituem íntrons).

Para determinar a massa molecular da proteína madura, será utilizada o servidor *Compute pI/Mw tool* (GASTEIGER *et al.*, 2005), usando a opção *Average*. Este *software* é uma ferramenta computacional que permite o cálculo do pI teórico (ponto isoelétrico) e Mw (peso molecular) de sequência de aminoácidos.

A fim de determinar a presença de peptídeo sinal na sequência de aminoácidos da APOE, será utilizado o *software* livre *SignalP 4.1 Server* (PETERSEN *et al.*, 2011). Essa ferramenta computacional prediz a existência e localização de peptídeo sinal de diferentes organismos, com previsões baseadas em combinações de várias redes neurais artificiais. O eixo X indica as posições referentes aos aminoácidos da sequência proteica. O eixo Y indica a pontuação referente à probabilidade de ocorrer um peptídeo sinal, representada

Dentre as modificações pós-traducionais que podem ocorrer em uma proteína destacam-se glicosilação, fosforilação e acetilação. Para a análise de sítio *N*-glicosilado foi utilizado o servidor *NetNGlyc 1.0 Server* (GUPTA; JUNG; BRUNAK, 2004), para análise de sítio *O*-glicosilado foi utilizado o *YinOYang 1.2 Server* (GUPTA; BRUNAK, 2002), já para a análise de sítio de acetilação foi utilizado o *NetAcet 1.0 Server* (KIEMER; BENDTSEN; BLOM, 2005), que é capaz de fornecer previsões para sítios e substratos da enzima *N*-acetiltransferase A. Para a análise de sítio de fosforilação utilizou-se o *NetPhos 2.0 Server* (BLOM; GAMMELTOFT; BRUNAK, 1999), este servidor produz prognósticos através de redes neurais para sítios de fosforilação em aminoácidos incluindo, serina, treonina e tirosina em proteínas de eucariotos.

Para a realização da modelagem por homologia estrutural, visando à construção do modelo para a proteína APOE do homem, foi utilizado o servidor *CPHmodels 3.2 Server* (NIELSEN *et al.*, 2010). Este servidor constitui de uma ferramenta *online* de modelagem por homologia de proteínas. O reconhecimento do melhor modelo é baseado em alinhamentos múltiplos considerando o perfil estrutural e exposição de suas previsões secundárias. Nesta análise, o *CPHmodels 3.2 Server*, seleciona o modelo proteico que apresenta maior índice de similaridade no PDB (*Protein Data Bank*). Em seguida, foi realizado o *download* do modelo gerado em formato *.pdb* (o arquivo de interesse será identificado por *query.pdb*). Para visualização da estrutura tridimensional foi utilizado o *software Pymol*. Trata-se de um *software* para delineado e análise visual (necessário o *Download*) em tempo real e criação de imagens moleculares de alta qualidade, gráficos e animações. O *software* ainda permite a visualização dos modelos proteicos gerados em 3D, destacando densidade, superfícies e rotações.

**Guia Passo a Passo:** Situação sugerida neste trabalho está sumarizada abaixo (cada passo possui uma questão a ser discutida durante a aula prática proposta):

1. Seleção do Gene: buscar na plataforma do *National Center for Biotechnology Information* (NCBI), no endereço eletrônico <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>, de acordo com as instruções fornecidas pelo professor, a sequência para o gene da Apolipoproteína E (APOE). Quantos nucleotídeos a sequência genética possui?
2. Utilizando o servidor *Translate Toll* (<http://web.expasy.org/translate/>), de acordo com as instruções fornecidas pelo professor, faça a tradução dos nucleotídeos para a sequência de aminoácidos. Quantos aminoácidos a sequência possui?
3. Utilizando o servidor *ComputeI/Mw tool* ([http://web.expasy.org/compute\\_pi/](http://web.expasy.org/compute_pi/)), usando a opção *Average*, determine a massa molecular teórica e o ponto isoelétrico para esta proteína. Qual a diferença entre massa molecular teórica e massa molecular real das proteínas?
4. Utilizando o servidor *SignalP 4.1* (<http://www.cbs.dtu.dk/services/SignalP/>), verifique se a mesma possui peptídeo sinal. Qual a função desta região da proteína para sua correta funcionalidade?
5. Verifique quais modificações pós-traducionais estão presentes na sequência da proteína em questão utilizando as ferramentas *NetNGlyc 1.0 Server* (JULENIUS *et al.*, 2005) (<http://www.cbs.dtu.dk/services/NetNGlyc/>), *YinOYang 1.2 Server* (<http://www.cbs.dtu.dk/services/YinOYang/>), *NetAcet 1.0 Server* (<http://www.cbs.dtu.dk/services/NetAcet/>), *NetPhos 2.0 Server* (<http://www.cbs.dtu.dk/services/NetPhos/>). Quais os tipos de modificações que foram

encontradas? Qual a importância das modificações pós-traducionais para a correta funcionalidade da proteína?

6. Gerar o modelo tridimensional servidor CPHmodels 3.2 Server (<http://www.cbs.dtu.dk/services/CPHmodels/>) e visualizar com auxílio do software Pymol disponível no endereço eletrônico [www.pymol.org](http://www.pymol.org).

## 4. RESULTADOS

### Passo 1 - Seleção do Gene:

A sequência do gene da APOE - Apolipoproteína E do homem, será obtida a partir da plataforma NCBI.

### Passo 2 - Utilizando o servidor Translate Toll:

Sequência do gene da APOE será submetida à análise do *software* livre *ExpASy – Translate Tool*, a fim de obter a sequência de aminoácidos, produto do gene APOE do homem. Como resultado desta análise será possível determinar, com exatidão, o início e o fim da região codificadora da proteína APOE (FIGURA 4). Como resultado, teremos uma proteína de 236 aminoácidos de tamanho.

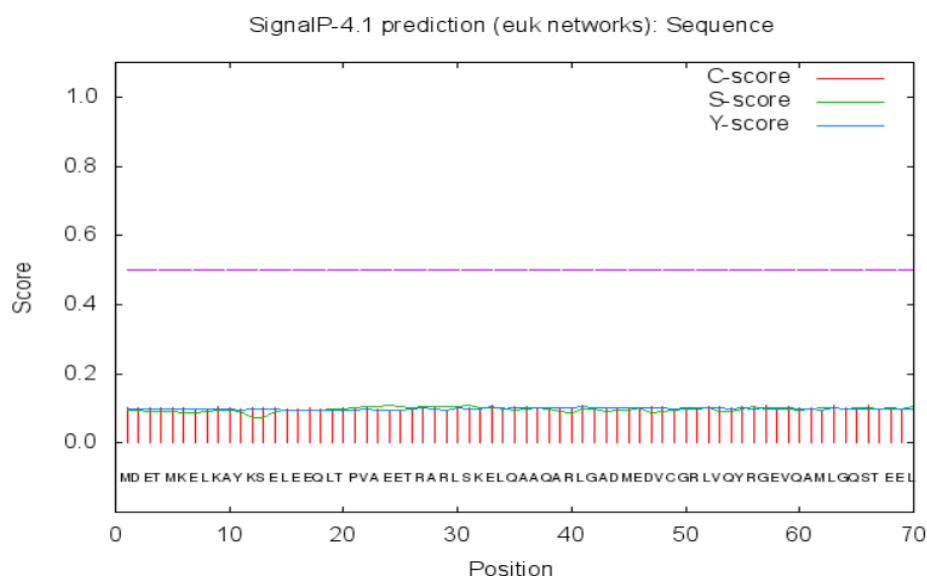
### Passo 3 - Utilizando o servidor ComputepI/Mw tool:

Com auxílio do servidor *ExpASy – Compute pI/Mw tool*, usando a opção *Average*, será possível determinar o pI teórico (ponto isoelétrico) e Mw (peso molecular) da sequência de aminoácidos que forma a proteína APOE. Os resultados indicarão uma proteína com massa molecular aparente estimada de 26667.30 Da e pI estimado de 7.85.

### Passo 4 - Utilizando o servidor SignalP 4.1:

Para determinar a presença de peptídeo sinal na sequência de aminoácidos da APOE, será utilizado o servidor *SignalP 4.1 Server*. Os resultados encontrados indicarão que não existe uma sequência de peptídeo sinal (FIGURA 4).

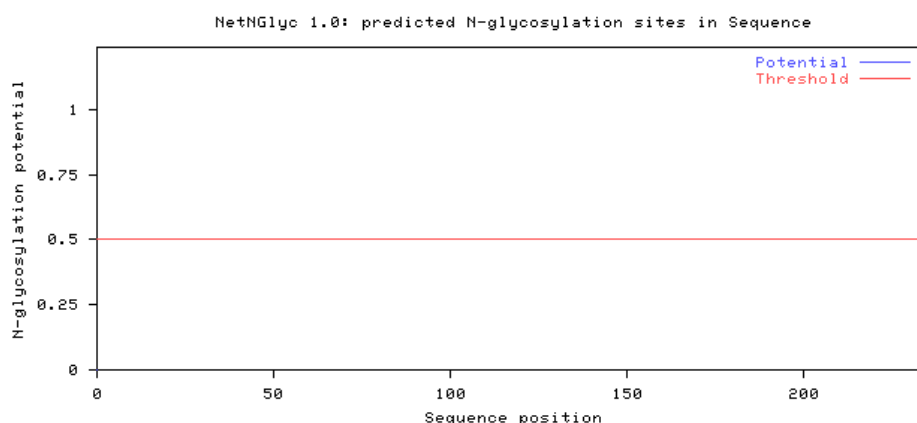
**Figura 4** – Análise com o servidor SignalP 4.1, mostrando não existir sítio de clivagem do peptídeo sinal.



## Passo 5 - Verifique quais modificações pós-traducionais:

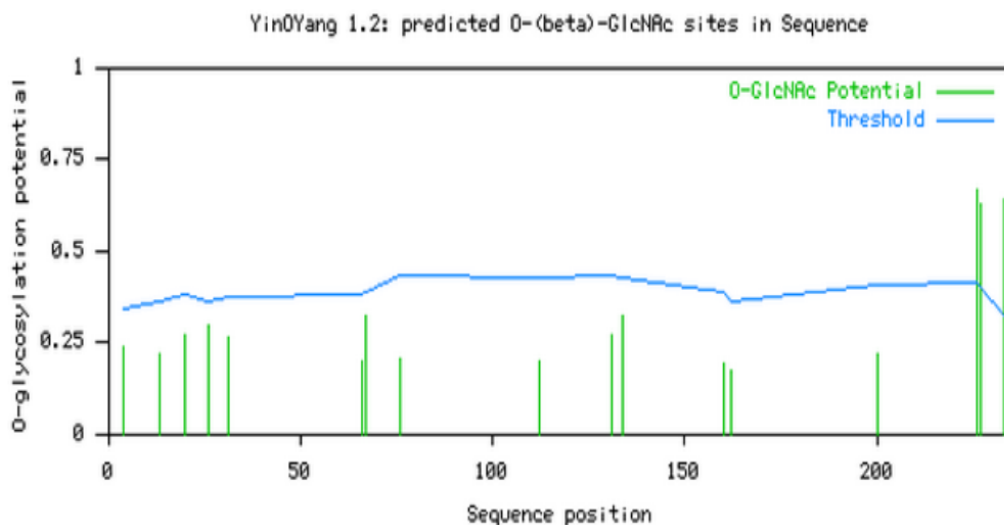
Para determinar os sítios de *N*-glicosilação será utilizado o servidor *NetNGlyc 1.0 Server*. Neste caso será obtido uma predição para uma proteína sem este tipo de modificação pós-traducional (FIGURA 5). O eixo X indica as posições referentes aos aminoácidos da sequência proteica. O eixo Y indica a pontuação referente à probabilidade de ocorrer uma ligação *N*-glicosídica, representada pelas linhas verticais azuis. A linha vermelha indica o valor mínimo para que ocorra uma ligação *N*-glicosídica.

**Figura 5** – Predição para sítios de *N*-glicosilação nas sequências de aminoácidos deduzidas para APOE.



A fim de prever a presença de sítios de *O*-glicosilações será usado o servidor *YinOYang 1.2*, os resultados indicarão 14 sítios para modificações *O*-GlcNAc nos aminoácidos nas posições **T<sup>226</sup>**, **S<sup>227</sup>** e **S<sup>233</sup>** (FIGURA 6), configurando assim, uma glicoproteína. Proteínas sinalizadoras presentes na região extracelular são geralmente glicosiladas. Glicoproteínas, em muitos casos, são proteínas integrais de membrana que desempenham papel nas interações célula-célula ou com a matriz extracelular. O eixo X indica as posições referentes aos aminoácidos da sequência proteica. O eixo Y indica a pontuação referente à probabilidade de ocorrer uma ligação *O*-glicosídica, representada pelas linhas verticais verdes. A linha azul indica o valor mínimo para que ocorra uma ligação *O*-glicosídica.

**Figura 6** – Predição para sítios de *O*-glicosilação nas sequências de aminoácidos deduzidas para APOE.

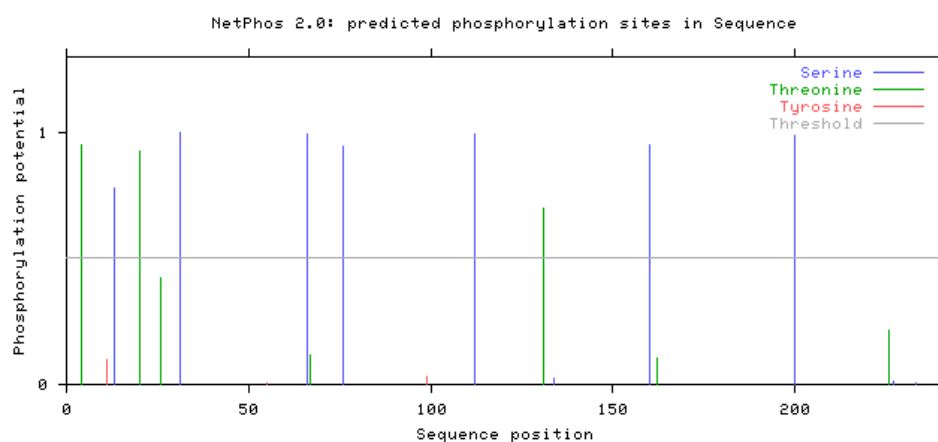




Para determinar a presença de sítios de acetilação será usado o servidor *NetAcet* 1.0. O resultado a ser obtido não revelará a existência de resíduos de serina, treonina, alanina ou glicina nas posições 1-3, necessárias para este tipo de modificação e, conseqüentemente, na seqüência da proteína APOE.

Para determinar os sítios de fosforilações será utilizado o servidor *NetPhos* 2.0, os resultados obtidos para as predições revelarão a existência de 10 sítios para fosforilação (FIGURA 7), sendo sete deles localizados nas posições **S<sup>13</sup>**, **S<sup>31</sup>**, **S<sup>66</sup>**, **S<sup>76</sup>**, **S<sup>112</sup>**, **S<sup>160</sup>**, **S<sup>200</sup>**, e sete na posição do aminoácido treonina **T<sup>4</sup>**, **T<sup>20</sup>**, **T<sup>131</sup>**, caracterizando esta glicoproteína como fosforilada. O eixo X indica as posições referentes aos aminoácidos da seqüência proteica. O eixo Y indica a pontuação referente à probabilidade de ocorrer uma fosforilação, representada pelas linhas verticais verdes (aminoácido Treonina), azuis (aminoácido Serina) e vermelhas (aminoácido Tirosina). A linha cinza indica o valor mínimo para que ocorra uma fosforilação.

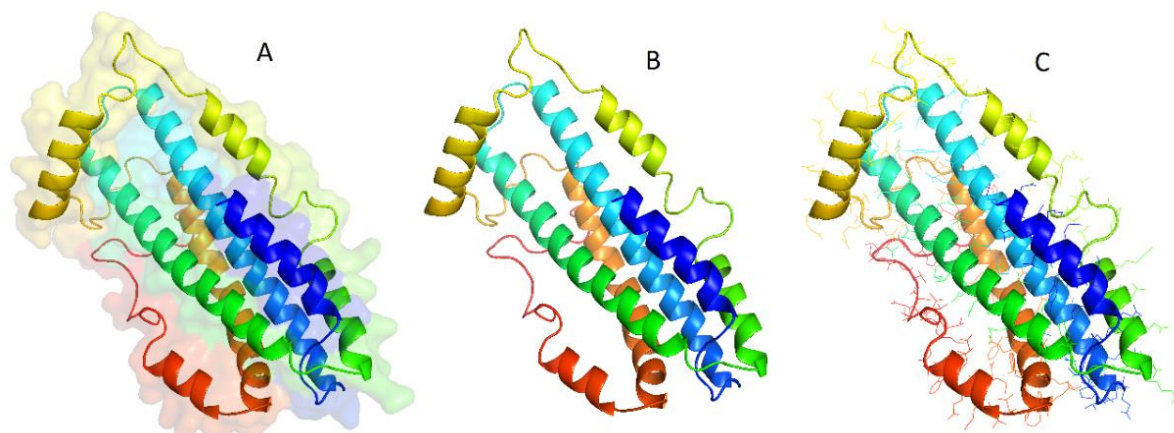
**Figura 7** – Predição para sítios de fosforilação nas seqüências de aminoácidos deduzidas para APOE.



### Passo 6 - Gerar o modelo tridimensional servidor CPHmodels 3.2 Server:

A obtenção do modelo tridimensional da proteína APOE, será com auxílio do *CPHmodels* 3.2 Server, que revelará uma proteína formada por oito seqüências  $\alpha$ -hélices unidas entre si por elementos desordenados (FIGURA 8).

**Figura 8** – Modelo 3D da proteína APOE humana obtida com auxílio do *CPHmodels* 3.2 Server. (A) Representação do modelo com nuvem eletrostática; (B) Representação do modelo sem nuvem eletrostática; (C) Representação da modelo com cadeias laterais dos resíduos de aminoácidos.



## 5. DISCUSSÃO

A formação continuada do professor carece de ser vista e assumida por todos, principalmente pelas políticas públicas, como processo permanente e integrado ao cotidiano da escola e das novas tecnologias da informação disponíveis. Na era da informática, a Bioinformática também se faz presente, existindo vários *softwares* desenvolvidos especialmente para a pesquisa científica. Entretanto, estes *softwares* podem ser utilizados para fins educacionais, em todas as esferas, sejam elas, federais, estaduais ou municipais. A Bioinformática trata de um campo da ciência na qual a Biologia, a Matemática, a Ciência da Computação e a Tecnologia da Informação se combinam para formar uma só disciplina, sendo o principal foco desta ciência a descoberta de novos *insights* biológicos bem como a criação de uma perspectiva geral que associe os princípios biológicos envolvidos. Neste contexto, com o advento das ferramentas de sequenciamento de ácidos nucleicos e de proteínas, tem gerado uma grande quantidade de informações biológicas de diversos organismos, principalmente em projetos Genoma, Transcriptoma e Proteoma. Assim, o uso dos bancos de dados como o NCBI vem assumindo um importante campo de pesquisa *in silico*, podendo tal prática ser exercida durante as aulas de Bioquímica ou mesmo aulas de química.

Com o apoio dos ambientes informatizados, criamos novas oportunidades e perspectivas para o desenvolvimento de conhecimentos sob a óptica realística (SILVA, 2011; MORENO *et al.*, 2013), diferente do ensino tradicional, onde se faz uso de quadro negro, lápis e caderno, e em muitos casos, dificultando a assimilação de conhecimentos. Embora, sejam claros os benefícios educacionais advindos de ambientes informatizados, ainda é difícil que as tecnologias assistidas se façam presentes em cursos de ciências, Biologia, Química e no cotidiano, tanto de docentes quanto de discentes (PERREIRA *et al.*, 2018).

No Brasil, são raros os relatos, projetos ou estudos científicos que demonstre o emprego de ferramentas de Bioinformática em aulas de Bioquímica. Neste trabalho, demonstramos a possibilidade do aproveitamento dessa tecnologia em sala de aula, sendo necessário apenas planejamento docente, sala contendo computadores e internet disponível. Quando consideramos os objetivos de pesquisa, as condições e delineamentos preconizados pelos docentes em prol da prática, permite aos alunos serem atores do conhecimento, da organização e da edição de suas descobertas científicas, estimulando em todas as etapas sua criticidade. Em experimentos *in silico*, com o uso de vários *softwares*, torna possível a construção e montagens de sequências de ácidos nucleicos e de proteínas, suas respectivas correções, análises de alinhamentos, comparações de sequências, visualizações de dados e, finalmente a obtenção de resultados sobre uma dada sequência em particular. O acesso aos dados de pesquisa acaba sendo, portanto, um imperativo para o desenvolvimento e a assimilação dos aprendizes, considerando-os que como pesquisadores, trabalham, cooperaram com seus colegas e obtém seus dados. Em última instância, é necessário o compartilhamento dos resultados obtidos em escala global, ou seja, entre professor e alunos envolvidos, podendo ser apresentados, tais informações, em eventos maiores incluindo, seminários, feiras de ciências, semanas acadêmicas, congressos, entre outros, a fim de incentivar a criação por outros professores e alunos.

Bucci e Meneghel, em 2008, já enumeravam alguns *softwares* de auxílio educacional, entre eles: o Moodle (*Modular Object-Oriented Dynamic Learning Environment*) – que se apresenta como um sistema livre de gestão de cursos executados em um ambiente virtual; o TelEduc – se caracteriza como um sistema livre para criação, participação e administração de cursos a distância; a AulaNet – um *software* livre baseado na Web para administração, criação, manutenção e participação em cursos

à distância e o e-ProInfo (Ambiente Colaborativo de Aprendizagem) – um *software* livre para a criação de um ambiente de ensino e aprendizagem a distância. Além dos *softwares*, Bucci e Meneghel, em 2008, também descrevem várias ferramentas incluindo, o Voki – que permite a criação e disponibilização de avatar em ambientes virtuais de aprendizagem; o ISSUU - permite a leitura de textos no formato de publicação de revista virtual; o You Tube - permite compartilhar vídeos em formato digital; o Flickr - permite gerenciar e compartilhar fotos e vídeos; o Stripcreator - permite a criação de histórias em quadrinhos, oferecendo diversos planos de fundo para vários personagens, assim como acrescentar balões de fala e narração.

Muitas são as tecnologias da informação e comunicação são disponíveis atualmente. Entretanto, diferem das ferramentas de Bioinformática, devido à possibilidade da construção do conhecimento ser dinâmico e em velocidade individual, ou seja, de acordo com capacidade e agilidade de cada aluno em particular. Embora a utilização das tecnologias da informação e comunicação, os indivíduos possam cambiar informações, quebrando barreiras: geográficas, financeiras e outras (MALARKODI; INDUMADHI; PRAVEENA, 2018), anteriormente intransponíveis, a Bioinformática vai além dessas barreiras.

Apesar das ferramentas de Bioinformática não serem muito empregadas em aulas de ciências, biologia e químicas, muitos professores de instituições de ensino superior presencial têm utilizados algumas ferramentas, porém de forma muito incipiente. Para Lewitter e Bourne (2011), é necessário o reconhecimento e interesse entre os professores a fim de construir e participar de programas de extensão não só em curso de graduação, mas também no ensino secundário, ademais cabe as políticas públicas agenciar o fomento e incentivar o uso dessas tecnologia em todas as esferas educacionais. Neste contexto, os métodos empregados para ensinar é algo que tem sido alterado ao longo dos anos.

O exercício e a adaptação às novas exigências colocam os docentes em meio a inúmeras celeumas polêmicas e complexas especialmente, quando se trata de novas tecnologias educacionais, devido a própria instrução educacional estar imersa em inúmeras vertentes que fazem os profissionais da educação refletir sobre questões filosóficas, psicológicas e epistemológicas. Desse modo, o delineamento estratégico bem elaborado de um plano de aula prática de Bioinformática nos remete a incluir a questão psíquica, pois se trata de um aprendizado que envolve a interação do humano com a máquina. Técnicas de Informação e Comunicação –TIC's - tem sido empregada para fazer com que os conceitos de diversas áreas do conhecimento deixem de ser apenas abstratos, mas também que representa algo real, mantendo-se uma comunicação bilateral, homem-máquina e teoria-prática.

## 6. CONCLUSÃO

Assim sendo, sugere-se que o contato direto dos alunos com as vias investigativas (*softwares* de Bioinformática), possam agenciar o desenvolvimento das teorias estudadas, bem como exercer papel atuante na própria evolução da Ciência como um todo, possibilitando um olhar crítico sobre os eventos que lhes são apresentados pelos *softwares* e pelo professor orientador. Para tanto, torna-se necessário mudanças nas metodologias e didáticas das aulas práticas, especialmente em disciplinas de Ciências e Biologia, quando envolverem as temáticas DNA, RNA e proteínas. Contudo, como peça fundamental para a execução dessa metodologia, é imprescindível que o professor/orientador mude hábitos e velhos conceitos, submetendo-se a treinamentos e capacitações específicas e continuadas.

Como resultado desse trabalho será possível a formação de alunos mais qualificados, maior nível de criticidade e influentes em relação às inovações computacionais, sendo capazes de acompanhar de forma mais eficiente suas escolhas profissionais.

## 7. REFERÊNCIAS

ANDRADE, M. A.; SANDERT, C. From genome data to biological knowledge using Bioinformatics. **Pharmaceutical Biotechnology**, v. 8, p. 675–683, 1997.

ARRUDA, E. P.; ARRUDA, D. E. P. Educação a Distância no Brasil: políticas públicas e democratização do acesso ao ensino superior. **Educação em Revista**, v. 31, p. 321–338, 2015.

AZEVEDO, A. L. Bibliotecas para formação de técnicos em saúde nos países africanos de língua portuguesa: um diagnóstico. **Trabalho, Educação e Saúde**, v. 16, p. 361–382, 2018.

BANDIERA-PAIVA, P. Departamento de Informática em Saúde – Escola Paulista de Medicina - UNIFESP: histórico e atividades futuras. **Journal of Health Informatics**, v. 6, p. 1–2, 2014.

BARBOSA, R. C.; CARVALHO, M. E. P.; LÓPEZ, A. M. Inclusão educacional, digital e social de mulheres no interior da Paraíba: uma experiência na UFPB. **Revista Brasileira de Estudos Pedagógicos**, v. 99, p. 148–171, 2018.

BLOM, N.; GAMMELTOFT, S.; BRUNAK, S. Sequence and structure-based prediction of eukaryotic protein phosphorylation sites. **Journal of Molecular Biology**, v. 294, p. 1351–1362, 1999.

BUCCI, M. A. M.; MENEGHEL, P. DA S. Tecnologias e ferramentas gratuitas da internet e sua aplicação aos programas de aprimoramento profissional à distância de equipes em bibliotecas universitárias. **Revista Brasileira de Biblioteconomia e Documentação**, v. 4, p. 52–63, 2008.

DAHM, R. Friedrich Miescher and the discovery of DNA. **Developmental Biology**, v. 278, p. 274–288, 2005.

FANDO, R.; KLAVDIEVA, M. Bioinformatics: past and Present. **International Conference on Engineering Technologies and Computer Science**, p. 34–36, 2018.

FARIAS, A. Q. P.; CHACON, P. F. S.; SILVA, N. R. R. A Bioinformática como ferramenta de formação de recursos humanos no IFRN. **Holos**, v. 6, p. 113–123, 2012.

FERREIRA, G. M. DOS S.; FREITAS, R. C.; MOREIRA, L. C. P. Inovação, TIC e docência: práticas e concepções de professores em uma IES privada. **Revista Internacional de Educação Superior**, v. 4, p. 25–51, 2017.

GASTEIGER, E. et al. Protein Identification and analysis tools on the ExPASy Server. **The Proteomics Protocols Handbook**, v. 1, p. 571–607, 2005.

GUPTA, R.; BRUNAK, S. Prediction of glycosylation across the human proteome and the correlation to protein function. **Pacific Symposium on Biocomputing**, v. 322, p. 310–322, 2002.

GUPTA, R.; JUNG, E.; BRUNAK, S. Prediction of *N*-glycosylation sites in human proteins. **In preparation**, 2004.

JULENIUS, K. et al. Prediction, conservation analysis, and structural characterization of mammalian mucin-type *O*-glycosylation sites. **Glycobiology**, v. 15, n. 2, p. 153–164, 2005.

- KIEMER, L.; BENDTSEN, J. D.; BLOM, N. NetAcet: prediction of N-terminal acetylation sites. **Bioinformatics**, v. 21, n. 7, p. 1269–1270, 2005.
- KIKUICHI, V. Z. F.; QUEIROZ, F. A. P. A Educação na contemporaneidade: contribuições da tecnologia digital para a inclusão das pessoas com deficiência auditiva. **Revista Evidência**, v. 14, p. 93–101, 2018.
- LACERDA, A. G. O diálogo e o GeoGebra na Educação Básica: implicações para os jovens futuros professores e sua formação. **Revista do Instituto GeoGebra de São Paulo**, v. 7, p. 29–44, 2018.
- LEWITTER, F.; BOURNE, P. E. Teaching Bioinformatics at the secondary school level. **PLoS Computational Biology**, v. 7, p. e1002242, 2011.
- MALARKODI, M.; INDUMADHI, V. M.; PRAVEENA, S. Awareness level of distance learning courses – A study for Tamil Nadu Agricultural University. **International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences**, v. 7, p. 2155–2161, 2018.
- MORENO, F. N. et al. Recurso computacional auxiliar ao ensino do raciocínio diagnóstico: intenções e valores identificados. **Cogitare Enfermagem**, v. 18, p. 669–675, 2013.
- MORÉS, A. Inovação científica, tecnológica e pedagógica: avanços da educação superior. **Educação Temática Digital**, v. 20, p. 1–16, 2018.
- MOTA, D. DE N. et al. Tecnologias da informação e comunicação: influências no trabalho da estratégia Saúde da Família. **Journal of Health Informatics**, v. 10, p. 45–49, 2018.
- NIELSEN, M. et al. CPHmodels-3.0-remote homology modeling using structure-guided sequence profiles. **Nucleic Acids Research**, v. 38, p. 576–581, 2010.
- NÓBREGA, THAYNAN ESCARIÃO RIBEIRO, E. C. et al. Conteúdo online no ensino odontológico: análise de uma disciplina básica. **Journal of Health Informatics**, v. 10, p. 50–54, 2018.
- OLIVA, G. Bioinformática: perspectivas na medicina. **Gazeta Médica da Bahia**, v. 78, p. 52–58, 2008.
- OLIVEIRA, C. M.; MARQUES, V. F.; SCHRECK, R. S. C. Aplicação de metodologia ativa no processo de ensino-aprendizagem: relato de experiência. **Revista Eletrônica Pesquiseduca**, v. 9, p. 674–684, 2017.
- PERREIRA, J. DA S. et al. Tecnologia assistiva na educação: a importância da inclusão. **Revista GEINTEC**, v. 8, p. 4392–4402, 2018.
- PETERSEN, T. N. et al. SignalP 4.0: discriminating signal peptides from transmembrane regions. **Nature Methods**, v. 8, p. 785–786, 2011.
- PROSDOCIMI, F. et al. Bioinformática: manual do usuário. **Biotecnologia Ciência e Desenvolvimentos**, v. 29, p. 12–25, 2002.
- SILVA, V. S. Tutores inteligentes como mediador para o ensino e a aprendizagem. **Revista Tecnologias em Projeção**, v. 2, p. 29–33, 2011.
- SOUSA, G. R. DE; BORGES, E. M. Educação a distância, TIC e formação de professores de pedagogia: um estudo de caso a partir da mídia-educação. **Revista Tempos e Espaços em Educação**, v. 11, p. 187–200, 2018.

SOUZA, M. T. DE; MARCELINO, R.; FORTUNATO, I. O LORI como método de avaliação de objetos de aprendizagem: estudo de revisão. **Revista de Estudos Aplicados em Educação**, v. 3, p. 41–56, 2018.

WATSON, J. D.; CRICK, F. H. C. A structure for deoxyribose nucleic acid. **Nature**, v. 171, p. 737–738, 1953.

Submissão: 17/04/2018

Aceito: 13/08/2018