

Bioinformática para a Educação Básica: capacitando docentes para o uso de ferramentas computacionais em sala de aula

Rita Alice Vasconcelos¹

Francisco Bruno de Sousa²

Tarcisio José Domingos Coutinho³

Resumo: A Bioinformática é uma área interdisciplinar que vem se desenvolvendo bastante ao longo dos últimos anos. Ela é, essencialmente, utilizada para a realização de pesquisas e apresenta um enorme potencial para uso como ferramenta aplicada ao ensino, especialmente em temas voltados para a biologia molecular. No entanto, para que seja possível seu uso em salas de aula do Ensino Médio, é necessário a capacitação de professores, para que tenham segurança quanto ao uso correto dos *softwares* e interpretação dos resultados gerados. Nesse sentido, o curso “Bioinformática para a Educação Básica” teve por objetivo capacitar docentes que atuam no Ensino Médio, assim como aqueles que estão cursando licenciaturas nas áreas de Ciências da Natureza, quanto ao uso e inserção de *softwares* e bancos de dados biológicos em suas práticas pedagógicas. Com duração de três meses e 120 participantes inscritos de diferentes regiões do país, o curso proporcionou o contato com *softwares* de Bioinformática e sugestões de aplicação em sala de aula.


Palavras-chave: Tecnologia. *Softwares*. Ensino de Biologia. Professores. Formação Docente.


Bioinformatics for High School: enabling teachers to use computational tools in the classroom


Abstract: Bioinformatics is an interdisciplinary area that has been developing quite a bit over the last few years. It is essentially used to carry out research, however it has enormous potential for use as an applied tool teaching, especially on topics related to molecular biology. However, for that its use in high school classrooms is possible, training is necessary of teachers, so that they have security regarding the correct use of the software and interpretation of generated results. In this sense, the course “Bioinformatics for basic education” aimed to train teachers who work in high school, as well as those who are taking degrees in the areas of Natural Sciences, regarding the use and insertion of software and biological databases in their practices pedagogical. With a duration of three months and 120 registered participants, people from different regions of the country, the course provided contact with bioinformatics and suggestions for their application in the classroom.

Keywords: Technology. Softwares. Biology Teaching. Teachers. Training Teacher.

Bioinformática para la Educación Básica: permitir que los docentes

¹ Graduanda em Ciências Biológicas. Aluna do Curso de Licenciatura em Ciências Biológicas do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Ceará (IFCE). Ceará, Brasil. ✉ alicevasconcelos409@gmail.com  <https://orcid.org/0000-0002-9002-0974>.

² Graduado em Ciências Biológicas. Pesquisador colaborador voluntário do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Ceará (IFCE). Ceará, Brasil. ✉ franciscobrunodesousa80@gmail.com  <https://orcid.org/0000-0001-9791-5618>.

³ Doutor em Bioinformática. Professor do Curso de Licenciatura em Ciências Biológicas do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Ceará (IFCE). Ceará, Brasil. ✉ tarcisio.coutinho@ifce.edu.br  <https://orcid.org/0000-0002-0008-4502>.

utilicen herramientas computacionales en el aula

Resumen: La bioinformática es un área interdisciplinaria que se viene desarrollando a lo largo de los últimos años. Ella es esencialmente, utilizada para la realización de búsqueda, sin embargo representa un enorme potencial para su uso como herramienta aplicada a la enseñanza, especialmente en temas referentes a la biología molecular. Sin embargo para que sea posible su uso en las clases de enseñanza media es necesario la capacitación de los profesores, para que los mismos tengan la seguridad en cuanto al uso correcto de los softwares y la interpretación de los datos generados. En este sentido, el curso "Bioinformática para la educación básica" tiene por objetivo capacitar a los docentes de enseñanza media así como los que están cursando licenciaturas en las áreas de Ciencias de la naturaleza en el uso y manejo de softwares y bancos de datos biológicos en sus prácticas pedagógicas. Con una duración de 3 meses y 120 participantes inscritos, personas de diferentes regiones del país, el curso proporcionó el contacto con software de bioinformática así como sugerencias de aplicación de los mismos en el clase.

Palabras clave: Tecnología. Softwares. Enseñanza de Biología. Profesores. Formación Docente.

1 Introdução

Ao longo dos últimos anos, devido ao desenvolvimento de tecnologias de sequenciamento mais robustas, a quantidade de sequências nucleotídicas e proteicas depositadas em bancos de dados vem aumentando vertiginosamente. Para que sejam corretamente analisadas e informações válidas – do ponto de vista biológico – sejam extraídas, é necessário o trabalho de profissionais que transitem bem entre as ciências biológicas e exatas (HU *et al.*, 2021; LEVY e MYERS, 2016; MARDIS, 2013).

Esses profissionais interdisciplinares são produtos de uma área não tão recente, mas cada vez mais importante, a Bioinformática, que une conhecimentos sobre bioquímica, biologia molecular, genética, estatística, ciência da computação, dentre outros, e está presente em pesquisas relacionadas à estrutura, expressão e função de genes, bem como o impacto destes na aptidão evolutiva dos organismos (GAUTHIER *et al.*, 2019; LEWIS, BARTLETT e ATKINSON, 2016; VAN CAMP, HASLAM e POROLLO, 2020).

O início dos anos 2000 foi marcado pela produção dos primeiros dados biológicos relacionados ao genoma humano e, desde então, vários projetos foram — e continuam sendo — desenvolvidos com o objetivo de melhorar a compreensão sobre os diversos mecanismos moleculares existentes nos mais diferentes organismos, desde os mais simples, como os vírus, até os mais complexos, como os mamíferos e as angiospermas (FERRARINI *et al.*, 2021; QIN *et al.*, 2021; SCHLOSS *et al.*, 2020; ZHANG *et al.*, 2019; ZHOU *et al.*, 2020).

Para que esses projetos fossem executados, várias ferramentas e análises de Bioinformática foram desenvolvidas, o que possibilitou um importante avanço na área nos últimos anos, de forma que, além de ser utilizada para pesquisa, também passou a ser considerada como ferramenta pedagógica para o ensino de ciências (WEFER e SHEPPARD, 2008; WIGHTMAN e HARK, 2012).

A natureza interdisciplinar inerente à Bioinformática, a possibilidade de utilizar *softwares web* ou que podem ser baixados e executados em computadores pessoais para análise de dados biológicos são características que estão intimamente ligadas à geração de discentes do século XXI, que apresenta enorme familiaridade com o mundo digital e suas tecnologias (FORM e LEWITTER, 2011; MARQUES *et al.*, 2014).

A utilização de bancos de dados presentes no *National Center for Biotechnology Information* (NCBI) e de alinhadores de sequências, como o BLAST (do inglês, *Basic Local Alignment Search Tool*) já são utilizados para o ensino de biologia molecular e evolução, por exemplo (GELBART e YARDEN, 2013; MACHLUF *et al.*, 2017; MARTINS *et al.*, 2020).

No Brasil, o uso de Bioinformática nas aulas de Ciências da Natureza ainda é uma realidade distante da maioria das escolas que possuem Ensino Médio (CASTRO *et al.*, 2020; ROSA, 2011; ROSA e LORETO, 2013). No entanto, analisando as instituições de Ensino Superior, percebe-se que as análises de dados biológicos utilizando ferramentas computacionais são utilizadas com mais frequência em cursos de graduação e extensão, fazendo parte do currículo e contribuindo para a formação acadêmica de diversos profissionais (FARIAS, CHACON e SILVA, 2012; FREIRE, *et al.* 2018; MOTA, 2018; NASCIMENTO e SARAIVA, 2019; RIBEIRO JUNIOR, OLIVEIRA e CECCATTO, 2012; SILVA *et al.*, 2021).

Pesquisas mostram que a inserção de recursos computacionais voltados para a análise de dados biológicos, além de proporcionar aos discentes uma melhor compreensão sobre assuntos que envolvem abordagens moleculares, também impacta positivamente na prática pedagógica docente, pois amplia o número de estratégias efetivas utilizadas em sala de aula (MACHLUF *et al.*, 2017; WILSON SAYRES *et al.*, 2018; WOOD e GEBHARDT, 2013). Todavia, para que o uso das ferramentas computacionais em ambientes escolares surta o efeito esperado é imprescindível que os docentes sejam capacitados por programas de formação continuada que ofereçam suporte, tanto teórico quanto prático para a execução de

aulas (MACHLUF e YARDEN, 2013; MARQUES *et al.*, 2014; SILVA e ROCHA, 2019).

Em trabalho recente com docentes e licenciandos em ciências biológicas, percebeu-se que professores que concluíram as graduações entre as décadas de 1990 e 2010 apresentam mais dificuldades em conceituar, de forma correta, a Bioinformática quando comparados àqueles que finalizaram o Ensino Superior entre 2011 e 2020. Inclusive, dentre os que demonstraram ter algum conhecimento sobre a área, 50% conseguiram identificar a sua relevância quanto a tornar o conteúdo menos abstrato e mais contextualizado (MORAES e CEZAR-DE-MELLO, 2021).

Tendo em vista as potencialidades do uso da Bioinformática no Ensino Médio, torna-se necessário o desenvolvimento de iniciativas que possibilitem aos docentes formações continuadas que contribuam para a capacitação desses profissionais, de forma a garantir segurança e tranquilidade do ponto de vista metodológico, fundamentais para a inserção de ferramentas computacionais voltadas para a análise de dados biológicos em suas práticas pedagógicas.

Diante da importância da Bioinformática e de seu possível impacto positivo nas escolas brasileiras de Ensino Médio, assim como do fato de que essa área da ciência é pouco difundida e estudada no âmbito das licenciaturas como uma ferramenta pedagógica e de acordo com as condições sanitárias decorrentes da pandemia causada pelo vírus SARS-CoV-2 causador da Covid-19, o presente trabalho teve como objetivo realizar, durante o primeiro semestre do ano de 2021, de forma totalmente virtual, a primeira edição do curso “Bioinformática para a Educação Básica”, com intuito de capacitar docentes que atuam no Ensino Médio, bem como os que estão cursando licenciaturas nas áreas de Ciências da Natureza, quanto ao uso e inserção de *softwares* e banco de dados biológicos em suas práticas pedagógicas.

2 O curso

Divulgação do curso e seleção dos candidatos

A divulgação do curso foi realizada por meio do perfil do *Instagram* do Laboratório de Tecnologia Educacional e Bioinformática (@lateb_ifce), do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Ceará – Campus Acaraú, pelo prazo de uma semana ou enquanto a totalidade das vagas não fossem preenchidas, sendo esse o principal canal utilizado para divulgar tanto as atividades de pesquisa quanto as de extensão e divulgação científica de temáticas relacionadas.

Inicialmente, foram ofertadas cem vagas para licenciados que atuam na Educação Básica e licenciandos em ciências biológicas, ciências, química e física. A seleção foi realizada com base na formação necessária e, em seguida, por ordem de inscrição, de modo que os primeiros cem licenciados e/ou licenciandos nas áreas relacionadas foram selecionados. Todavia, após a não confirmação da participação de alguns e pedidos para mais vagas, foram selecionados 120 participantes.

Oferta, duração e execução do curso

O curso foi ofertado no modelo remoto e síncrono, pela plataforma *Google Meet* por um período de três meses (de abril a junho de 2021) e pensado para licenciados e licenciandos que apresentassem pouco conhecimento sobre a Bioinformática, de modo que o conteúdo abordado fosse passível de ser aplicado até por quem alegasse ser leigo na área. Foi criada uma sala de aula virtual na qual foram disponibilizadas todas as gravações dos encontros, materiais de suporte e *links* das ferramentas computacionais utilizadas. Os encontros síncronos ocorreram às terças-feiras, de 19h às 21h e em cada um deles foi discutido um tema ou *software* relacionado à Bioinformática, sempre com foco na maneira de utilizar o conteúdo ou a ferramenta no ambiente de sala de aula.

Temas abordados

O curso foi organizado em semanas temáticas, como consta no Quadro 1, uma vez que partiu do pressuposto de que poucos possuíam experiência com a Bioinformática, especialmente no que diz respeito ao uso em sala como ferramenta pedagógica. Ficou decidido que seria importante fornecer uma base teórica mínima para então explorar as possibilidades contidas nos bancos de dados e *softwares*.

Quadro 1: Organização dos conteúdos por semana de curso

Semana	Tema
Semana 1	Introdução à Bioinformática
Semana 2	Sequenciamento de nova geração
Semana 3	Ciências ômicas – genômica e genômica comparativa
Semana 4	Noções de metagenômica, transcriptômica, proteômica e bioinformática estrutural
Semana 5	Desvendando o NCBI
Semana 6	Bancos de dados biológicos
Semana 7	Bancos de dados biológicos
Semana 8	Evolução molecular
Semana 9	Alinhamento de sequências

Semana 10	Noções básicas de filogenia
Semana 11	Utilizando o software MEGA
Semana 12	Discussão sobre possibilidades de pesquisa quanto ao uso de bioinformática na sala de aula

Fonte: Próprios Autores.

O objetivo do primeiro momento com os cursistas foi introduzir e contextualizar historicamente a Bioinformática, mostrando os principais eventos relacionados ao desenvolvimento da área, com destaque para os primeiros bancos de seqüências proteicas construídos por Margaret Dayhoff, os principais projetos genomas e a grande produção de dados biológicos a partir de meados dos anos 2000.

As três semanas seguintes foram utilizadas para explicações sobre as principais tecnologias e estratégias de sequenciamento, bem como para discutir as principais áreas da Bioinformática, sempre exemplificando com artigos científicos atuais e seus impactos para o desenvolvimento da ciência.

Essas quatro semanas do curso serviram para fornecer conceitos importantes para os participantes, assim como uma excelente oportunidade de mostrar a atualidade das pesquisas em Bioinformática e os temas que podem ser, por exemplo, um excelente ponto de partida para a sua inserção nas aulas de biologia e demais Ciências da Natureza.

Em um trabalho sobre o uso de modelagem comparativa de proteínas (BADOTTI *et al.*, 2013), percebeu-se que, utilizando uma metodologia em que proteínas são comparadas a fim de identificar aspectos importantes sobre elas, os discentes ficaram curiosos, assumindo uma postura mais ativa diante dos dados, buscando com muito mais interesse respostas para as suas hipóteses, uma vez que, por meio de atividades extraclasse não obrigatórias, vários discentes sentiram confiança em elaborar materiais para encontros científicos e até mesmo propor moléculas com potencial biotecnológico a partir dos conhecimentos adquiridos.

Para Mertz e Streu (2015), a Bioinformática pode ser utilizada como uma ferramenta de metodologia ativa, colocando o discente como protagonista do processo de aprendizagem. A partir de uma estratégia dividida em dois semestres, os autores solicitaram que, primeiramente, os alunos selecionassem uma proteína putativa e a estudassem por meio de ferramentas computacionais. Em seguida, no segundo momento, desenvolvessem ideias originais e as apresentassem na forma de projeto de pesquisa.

A partir daí, foi iniciado um segundo bloco de conteúdos, agora voltados para bancos de dados e suas potencialidades, dedicando uma aula exclusivamente para os que estão contidos no *National Center for Biotechnology Information* (NCBI)⁴, que é um órgão americano que abriga diversos bancos de dados moleculares e consiste em uma importante fonte de informações para temas relacionados à Bioinformática.

Neste momento do curso, foram destacadas as seções do PubMed e PubMed Central, com foco nos diversos filtros que são executados nesses ambientes para buscar artigos relacionados que podem ampliar e atualizar os conhecimentos sobre a Bioinformática e suas aplicações. Além das informações bibliográficas, foi mostrado o genoma da bactéria *Escherichia coli strain K-12 substrain MG1655*, um importante e muito estudado organismo modelo, de forma a visualizar informações sobre o tamanho do cromossomo e características relacionadas a alguns genes.

Ao visualizar o genoma da *Escherichia coli*, foi explicado que os dados biológicos gerados a partir do sequenciamento das moléculas são armazenados em arquivos específicos, tais como os dos tipos genbank (.gb) e fasta (.fas), que são os mais utilizados. Além disso, utilizando uma ferramenta gráfica do próprio NCBI, foram analisadas a distribuição e as funções de alguns genes, com destaque para a visualização de domínios conservados via *Conserved Domains Database* (CDD) (MARCHLER-BAUER *et al.*, 2010).

Destaca-se, neste ponto, a importância de mostrar aos licenciados e licenciandos que conceitos mais abstratos como o sequenciamento dos genomas e a estrutura e função dos genes podem ser visualizados computacionalmente, assim como a possibilidade da utilização desses recursos em aulas de bioquímica ou biologia molecular, por exemplo, para uma melhor compreensão das estruturas e funções das mais diversas proteínas presentes em um organismo.

O uso de ferramentas computacionais para determinar a função e a estrutura tridimensional de uma proteína, segundo Gray *et al.* (2015), permite uma melhoria significativa, validada por várias métricas, tanto no desempenho acadêmico quanto na confiança dos discentes, sendo parte fundamental para a compreensão de aspectos moleculares relacionados à química de proteínas.

Após discutir algumas possibilidades de análises a partir dos dados biológicos

⁴ Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/> Acesso em: 25 jun. 2022

contidos do NCBI, partiu-se para explorar outros bancos de dados, com destaque para o *Virulence Factors DataBase (VFDB)*⁵ (LIU *et al.*, 2019), *PHAge Search Tool Enhanced Release (PHASTER)*⁶ (ARNDT *et al.*, 2016), *SWISS MODEL*⁷ (WATERHOUSE *et al.*, 2018), *Protein DataBank (PDB)*⁸ (BURLEY *et al.*, 2021), *ViralZone*⁹ (MASSON *et al.*, 2012).

Explicar esses bancos de dados aos participantes do curso possibilitou ampliar os recursos que podem ser utilizados na sala de aula e, dentre outras coisas, a utilização de metodologias ativas, como ensino por investigação, já que esses ambientes virtuais possuem informações que podem ser utilizadas para comparar moléculas ou até mesmo organismos a fim de testar hipóteses.

Unir a Bioinformática com o ensino baseado em problemas já é uma realidade e tem mostrado que muitos discentes preferem essa metodologia a estilos mais tradicionais, pois esta permite, dentre outras coisas, a formação de ambientes de grupos colaborativos para resolução de problemas o que, inclusive, colabora para a formação profissional (DAVIES *et al.*, 2019).

Neste ponto do curso foi mostrado que no *site* do PDB já existe, naturalmente, vários materiais que podem ser utilizados como suporte para aulas de bioquímica e biologia molecular podendo, inclusive, serem baixados e impressos para uso físico nas salas de aula.

O próximo bloco de conteúdos diz respeito às temáticas relacionadas à evolução molecular, nas quais foi reforçado que na biologia tudo deveria ser explicado à luz da evolução, como diria Theodosius Dobzhansky (1979), especialmente quando discorre sobre moléculas que formam os seres vivos e o impacto evolutivo das mudanças que ocorrem nelas.

A evolução, de maneira geral, ainda é um tema delicado nas salas de aula, sobretudo no Ensino Médio, por vários motivos, como a falta de compreensão correta do fenômeno por parte dos docentes, necessidade de formação continuada para esses profissionais e o fato de muitos discentes não conseguirem separar conceitos científicos de seus dogmas religiosos (GOEDERT, DELIZOICOV e ROSA, 2004).

⁵ Disponível em: <http://www.mgc.ac.cn/Vfs> Acesso em: 25 jun. 2022

⁶ Disponível em: <https://phaster.ca> Acesso em: 25 jun. 2022

⁷ Disponível em: <https://swissmodel.expasy.org> Acesso em: 25 jun. 2022

⁸ Disponível em: <https://www.rcsb.org> Acesso em: 25 jun. 2022

⁹ Disponível em: <https://viralzone.expasy.org> Acesso em: 25 jun. 2022

A evolução molecular é uma das temáticas mais fortes dentro do Laboratório de Tecnologia Educacional e Bioinformática — LaTEB, por se tratar de um aspecto da vida que poucos docentes e discentes conseguem compreender em sua plenitude. É importante e necessário que seja corretamente explicada e, por isso, esse momento do curso foi iniciado a partir da explicação de conceitos relacionados aos mecanismos moleculares e seus impactos evolutivos para que, em seguida, fosse discutido aspectos relacionados ao alinhamento de sequências, modelos evolutivos e construção de árvores filogenéticas (ZIADIE e ANDREWS, 2018).

Associar eventos de mutações à adaptação dos organismos, por exemplo, é uma das temáticas básicas nas aulas de biologia do Ensino Médio, porém, visualizar esse evento não é uma das atividades mais simples (FINCH e VIEIRA, 2018). Quando as sequências de uma determinada proteína presente em diversos organismos são selecionadas e realiza-se um alinhamento entre elas, fica mais fácil para o discente entender que algumas regiões podem variar mais que outras. Além disso, melhora a compreensão relativa à lógica evolutiva utilizada para separar os organismos em uma filogenia.

Por fim, foi sugerida a utilização do *software Molecular Evolutionary Genetics Analysis* (MEGA)¹⁰ (TAMURA, STECHER e KUMAR, 2021), que é amplamente empregado em análises relacionadas à evolução molecular, como uma ferramenta interessante para ministrar esse conteúdo em sala de aula. Esse *software* tem uma interface gráfica amigável, está disponível para diversos sistemas operacionais e é muito simples de baixar e executar as análises, o que possibilita ao docente o seu uso no início do processo de inserção de conteúdos de Bioinformática em sua prática pedagógica até se sentir mais confiante e desafiado a utilizar *softwares* mais complexos.

O curso foi encerrado com uma discussão sobre as possibilidades de pesquisa na área, ou seja, na implementação de ferramentas computacionais na sala de aula do Ensino Médio. Como foi visto, no Brasil, essa ainda é uma área com poucos trabalhos, mas que apresenta um grande potencial.

Características dos participantes

No momento da inscrição foi solicitado aos interessados que respondessem um

¹⁰ Disponível em: <https://www.megasoftware.net> Acesso em: 25 jun. 2022

questionário anônimo e não obrigatório para identificação do público que demonstrou interesse. Algumas das respostas obtidas foram utilizadas para esta discussão.

Como o curso foi realizado de forma remota e a divulgação foi feita por meio do perfil do *Instagram* do Laboratório de Tecnologia Educacional e Bioinformática (@lateb_ifce), que consiste em um exemplo de mídia social com amplo alcance, foram identificados participantes de 9 estados da federação, com destaque para os licenciados e licenciandos do Ceará que representaram 55,9% do total, sendo que esse percentual pode ser justificado pelo fato de que boa parte dos seguidores que acompanham com regularidade o perfil são de municípios cearenses e desenvolvem algum tipo de atividade relacionada ao ensino de Ciências da Natureza ou Bioinformática, mostrando, dessa forma, um impacto positivo na circunvizinhança.

Embora não tenha sido realizada divulgação paga — o que ampliaria o alcance do curso — constatou-se que quase 75% do total de licenciados e licenciandos pertenciam à região Nordeste, o que mostra que há interesse por parte de um público que está fora dos grandes centros como Minas Gerais, São Paulo e Rio de Janeiro, onde a Bioinformática é uma ciência bem difundida e utilizada, sugerindo que nessa região há uma curiosidade sobre o tema e suas possibilidades.

Outro aspecto identificado dentre os participantes é que a maioria, (cerca de 84%) são oriundos de instituições públicas de Ensino Superior; aproximadamente 60% apresentam idades entre 18 e 25 anos e licenciandos correspondem à quase 64% do total, dos quais 81,4% disseram que já tinham pensado, em algum momento anterior ao curso, em utilizar a Bioinformática na sua prática pedagógica.

Assim como os dados geográficos, essas informações estão relacionadas ao perfil dos seguidores do *Instagram*, que, pelo fato de ser um laboratório contido em uma instituição pública de ensino e divulgar conteúdos tecnológicos que envolvem temas de biologia, possivelmente tem alcançado com mais efetividade pessoas com as referidas características, ou seja, que vê como menos desafiadora a proposta de inserção da Bioinformática na sala de aula.

Notou-se que os discentes, a partir do primeiro contato com a bioinformática como uma ferramenta de ensino, têm sentido que a oportunidade de analisar dados biológicos deve acontecer cada vez mais cedo dentro dos currículos dos cursos de graduação, tendo em vista a capacidade de desenvolvimento profissional que essas ferramentas possibilitam (MADLUNG, 2018).

Mesmo assim, é importante ressaltar que o número de profissionais licenciados participantes do curso (36%) também possui significado, uma vez que eles representam uma parcela de profissionais que já estão inseridos no mercado de trabalho e que, a partir desses dados, são docentes antenados com o mundo tecnológico e estão atentos às necessidades de seus discentes e comprometidos em tornar a sua prática pedagógica cada vez mais efetiva (SCOTT *et al.*, 2017).

Impacto do curso

No último encontro, foi solicitado também de forma não obrigatória e anônima, que os licenciados e licenciandos que se sentissem confortáveis respondessem a um questionário simplificado sobre o impacto do curso do ponto de vista profissional. Dos 120 que iniciaram o curso, 88 participaram de, pelo menos, 75% dos encontros, número que foi considerado como o total de participantes efetivos, dos quais 53 estavam nesse dia, o que corresponde a, aproximadamente, 44% do total, de modo que responderam ao questionário e os resultados serão discutidos a partir de agora.

Estes dados refletem que, ao longo do tempo, vários licenciados e licenciandos não conseguiram acompanhar a rotina de encontros, o que, de certa forma, era esperado, pois foi um curso de média duração com conteúdos complexos e ocorrido em tempos de pandemia, e as atividades remotas extrapolaram – e muito – as realizadas na forma presencial.

Já que o curso estava finalizando, uma questão de interesse por parte dos organizadores era saber quantos, depois de todas as aulas, sentiam-se confortáveis para utilizar as ferramentas computacionais explicadas. Como resultado, 90,6% dos respondentes demonstraram confiança em utilizar elementos de Bioinformática em suas práticas pedagógicas.

Outro aspecto que foi mensurado diz respeito à utilização do *software* MEGA (TAMURA, STECHER e KUMAR, 2021), por parte dos licenciados e licenciandos e, dos que responderam, 96,2% afirmaram que recomendariam ou utilizariam o *software* em uma aula de biologia, o que reforça a confiança em propor de forma objetiva este *software* como uma importante ferramenta pedagógica, podendo ser utilizado pelos professores do Ensino Médio, por exemplo.

3 Considerações finais

O curso “Bioinformática para a Educação Básica” foi proposto como um projeto

de extensão organizado pelo Laboratório de Tecnologia Educacional e Bioinformática — LaTEB, validado pela Pró-Reitoria de Extensão do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Ceará e executado por docente e discentes do curso de Licenciatura em Ciências Biológicas do IFCE, *campus Acaraú*.

Esse curso foi proposto de forma remota com encontros síncronos e semanais por três meses e contou com 120 inscritos, dos quais 88 permaneceram até o final das atividades. Essa modalidade possibilitou que licenciados e licenciandos de diversas partes do país pudessem participar, o que trouxe uma riqueza de discussões durante os encontros, pois havia participantes de diferentes idades e experiências.

O uso de ferramentas computacionais em salas de aula da Educação Básica, especialmente do Ensino Médio no Brasil, ainda é uma realidade distante para a maioria das escolas, o que difere de outros países do mundo. No entanto, observa-se que pesquisadores e professores estão atentos a essa temática, o que tem permitido perceber, nos últimos anos, novas publicações de trabalhos relacionados à área.

Ainda há muito desafios a serem superados, tais como: habilidades por parte dos docentes para utilização dos recursos apresentados; capacitação de forma efetiva e eficiente dos profissionais que desejem implantar essas ferramentas em suas salas de aula; disponibilidade de material e *softwares* em português pelo menos para minimizar as dificuldades quanto ao idioma; condições mínimas de *internet* para navegação nos bancos de dados; disponibilidade de computadores com configuração compatível com as atividades; dentre outras.

É possível implementar essas ferramentas nas salas de aula para que contribuam para a melhoria do ensino de nosso país. O curso mostrou que há profissionais que já atuam no mercado de trabalho ou que estão em processo de conclusão de seus cursos de graduação e possuem interesse não apenas do ponto de vista teórico, mas especialmente prático sobre como inserir a Bioinformática em suas práticas pedagógicas.

Agradecimentos

Agradecemos à Pró-Reitoria de Extensão do IFCE bem como à Coordenação de Extensão do campus Acaraú por todo o suporte.

Referências

ARNDT, D. *et al.* Phaster: a better, faster version of the PHAST phage search tool. **Nucleic Acids Research**, v. 44, p. 16-21, 8 jul. 2016.

BADOTTI, F. *et al.* Comparative Modeling of Proteins: A Method for Engaging Students' Interest in Bioinformatics Tools. **Biochemistry and Molecular Biology Education**, [S. l.], v. 14, n. 2, p. 68-78, 25 out. 2013.

BURLEY, S. K. *et al.* RCSB Protein Data Bank: powerful new tools for exploring 3D structures of biological macromolecules for basic and applied research and education in fundamental biology, biomedicine, biotechnology, bioengineering and energy sciences. **Nucleic acids research**, v. 49, p. 437-451. 8 jan. 2021.

CASTRO, J. A. *et al.* Bioinformática como Objeto de Aprendizagem Digital (OAD) para o ensino da Biologia Molecular. **Boletim Técnico**. 1 ed. p. 1-33. Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Baiano, Campus Governador Mangabeira, Governador Mangabeira, BA. 2020.

DAVIES, A. C. *et al.* Problem-based learning in clinical bioinformatics education: Does it help to create communities of practice? **PLoS Computational Biology**, v. 15, n. 6, p. 1-13, 27 jun. 2019.

DOBZHANSKY, T. Nothing in Biology Makes Sense Except in the Light of Evolution. **National association biology teacher**, v. 35, n. 3, p. 125-129, mar. 1979.

FARIAS, A. Q. P.; CHACON, P. F. S.; SILVA, N. R. R. A Bioinformática como ferramenta de formação de recursos humanos no IFRN. **HOLOS**, [S.l.], v. 6, p. 113-123. 2012. ISSN 1807-1600.

FERRARINI, M. G. *et al.* Genome-wide bioinformatic analyses predict key host and viral factors in SARS-CoV-2 pathogenesis. **Communications biology**, v. 4, n. 1, p. 1-15, 17 maio 2021.

FINCH, R.; VIEIRA, A. R. Exploring Teaching of Genetic Inheritance in High School. **Interdisciplinary Education and Psychology**, p. 1-9, 25 abr. 2018.

FORM, D.; LEWITTER, F. Ten simple rules for teaching bioinformatics at the high school level. **PLoS Computational Biology**, v. 7, n. 10, p. 1-2, 27 out. 2011.

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**, [S. l.], v. 15, n. 4, p. 1442-1455, 3 out. 2018.

GAUTHIER, J. *et al.* A brief history of bioinformatics. **Briefings in Bioinformatics**, v. 20, n. 6, p. 1981-1996, nov. 2019.

GELBART, H.; YARDEN, A. Learning genetics through an authentic research simulation in bioinformatics. **Journal of Biological Education**. v. 40, n. 3, p. 107-112, 13 dez. 2013.

GOEDERT, L.; DELIZOICOV, N. C.; ROSA, V. L. A. Formação de professores de biologia e a prática docente - o ensino de evolução. **IV Encontro Nacional de**

Pesquisa em Educação em Ciências, [S. l.], p. 1-11, 2004.

GRAY, C. *et al.* Known Structure, Unknown Function: An Inquiry-based Undergraduate Biochemistry Laboratory Coursews. **Biochemistry and Molecular Biology Education**, Universidade de Virginia, Charlottesville, Virginia., v. 43, n. 4, p. 245-262, 6 jul. 2015.

HU, T. *et al.* Next-generation sequencing technologies: An overview. **Human Immunology**, v. 82, n. 11, p. 801-811, nov. 2021.

LEVY, S. E.; MYERS, R. M. Advancements in Next-Generation Sequencing. **Annual Review of Genomics and Human Genetics**, v. 17, p. 95-115, 9 jun. 2016.

LEWIS, J.; BARTLETT, A.; ATKINSON, P. Hidden in the Middle: Culture, Value and Reward in Bioinformatics. **Minerva**, v. 54, n. 4, p. 471-490, 11 jul. 2016.

LIU, B. *et al.* VFDB 2019: a comparative pathogenomic platform with an interactive web interface. **Nucleic Acids Research**, v. 47, p. 687-692, 8 jan. 2019.

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.

MACHLUF, Y. YARDEN, A. Integrating bioinformatics into sênior high school: design principles and implications. **Briefings in Bioinformatics**. v. 14, n. 5, p. 648-660. 10 maio 2013.

MADLUNG, A. Assessing an effective undergraduate module teaching applied bioinformatics to biology students. **PLoS Comput Biol**, v. 14, n. 1, 11 jan. 2018.

MARCHLER-BAUER, A. *et al.* CDD: a Conserved Domain Database for the functional annotation of proteins. **Nucleic Acids Research**, [S. l.], v. 39, p. 225–229, 24 nov. 2010.

MARDIS, E. R. Next-Generation Sequencing Platforms. **Annual Review of Analytical Chemistry**, v. 6, p. 287-303, 25 mar. 2013.

MARQUES, I. *et al.* Bioinformatics projects supporting life-sciences learning in high schools. **PLoS Computational Biology**, v. 10, n. 1, p. 1-6, 23 jan. 2014.

MARTINS, A. *et al.* Bioinformatics-Based Activities in High School: Fostering Students' Literacy, Interest, and Attitudes on Gene Regulation, Genomics, and Evolution. **Frontiers in microbiology**, v. 11, p. 1-15, 14 out. 2020.

MASSON, P. *et al.* ViralZone: recent updates to the virus knowledge resource. **Nucleic acids research**, v. 41, p. 579-583, 28 nov. 2012.

MERTZ, P.; STREU, C. Writing Throughout the Biochemistry Curriculum: Synergistic Inquiry-Based Writing Projects for Biochemistry Studentsws. **Biochemistry and Molecular Biology Education**, [S. l.], v. 43, n. 6, p. 408-416, 25 out. 2015.

MORAES, I. O.; CEZAR-DE-MELLO, P. F. T. O que pensam os docentes sobre o uso da bioinformática no ensino de biologia. **Revista Brasileira de Ensino de Ciência e**

Tecnologia, Ponta Grossa, v.14, n. 2, p. 75-94, mai./ago. 2021.

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

NASCIMENTO, Y. A. P.; SARAIVA, L. F. M. Ferramentas de bioinformática aplicadas ao ensino da biotecnologia. **Revista de Ensino de Bioquímica**, [S.l.], v. 17, n. 1, p. 75 - 90, 3 jun. 2019. ISSN 2318-8790.

QIN, L. *et al.* Insights into angiosperm evolution, floral development and chemical biosynthesis from the *Aristolochia fimbriata* genome. **Nature Plants**, v. 7, p. 1239–1253, 2 set. 2021.

ROSA, R. T. N. **Do gene à proteína**: explorando o genbank com alunos do ensino médio. 2011. 168f. Tese (Doutorado em Educação em Ciências: Química da Vida e Saúde) – Centro de Ciências Naturais e Exatas. Universidade Federal de Santa Maria. Santa Maria.

ROSA, R. T. N.; LORETO, É. L. S. Análise, através de mapas conceituais, da compreensão de alunos do ensino médio sobre a relação dna-rna-proteínas após o acesso ao genbank. **Investigações em Ensino de Ciências**. v. 18, n. 2, p. 385-405. 2013.

RIBEIRO JUNIOR, H. L.; OLIVEIRA, R. T. G.; CECCATTO, V. M. Bioinformática como recurso pedagógico para o curso de ciências biológicas na Universidade Estadual do Ceará – UECE – Fortaleza, Estado do Ceará. **Acta Scientiarum**. Education, v. 34, n. 1, p. 129-140, 30 abr. 2012.

SCHLOSS, J. A. *et al.* Cultivating DNA Sequencing Technology After the Human Genome Project. **Annual Review of Genomics and Human Genetics**, v. 21, p. 117-138, 13 abr. 2020.

SCOTT, H. *et al.* Next-generation teaching: a template for bringing genomic and bioinformatic tools into the classroom. **Journal of Biological Education**, v. 52: n. 3, p. 301-313, 7 ago. 2017.

SILVA, A. L. *et al.* From In-Person to the Online World: Insights Into Organizing Events in Bioinformatics. **Frontiers in Bioinformatics**, v. 1, p. 1-10, 7 set. 2021.

SILVA, L. G.; ROCHA, J. D. T. Formação docente: o uso da tecnologia educacional independente na educação básica. **Revista Humanidades e Inovação**, [S. l.], v. 6, n. 8, p. 123-129, 4 jun. 2019.

TAMURA, K.; STECHER, G.; KUMAR, S. MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. **Molecular biology and evolution**, v. 38, n. 7, p. 3022-3027, 23 abr. 2021.

VAN CAMP, P. J.; HASLAM, D. B.; POROLLO, A. Bioinformatics Approaches to the Understanding of Molecular Mechanisms in Antimicrobial Resistance. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 21, n. 4, 18 fev. 2020.

WATERHOUSE, A. *et al.* SWISS-MODEL: homology modelling of protein structures and complexes. **Nucleic Acids Research**, v. 46, p. 296-303, 2 jul. 2018.

WEFER, S. H.; SHEPPARD, K. Bioinformatics in High School Biology Curricula: A Study of State Science Standards. **Life Sciences Education**, v. 7, n. 1, p. 155-162, 2008.

WIGHTMAN, B.; HARK, A. T. Integration of bioinformatics into an undergraduate biology curriculum and the impact on development of mathematical skills. **Biochemistry and molecular biology education**, v. 40, n. 5, p. 310-319, 22 ago. 2012.

WILSON SAYRES, M. A. *et al.* Bioinformatics core competencies for undergraduate life sciences education. **PLoS ONE**, v. 13, n. 6, p. 1-20, 5 jun. 2018.

WOOD, L.; GEBHARDT, P. Bioinformatics Goes to School—New Avenues for Teaching Contemporary Biology. **PLoS Comput Biol**, v. 9, n. 6, 13 jun. 2013.

ZIADIE, M. A.; ANDREWS, T. C. Moving Evolution Education Forward: A Systematic Analysis of Literature to Identify Gaps in Collective Knowledge for Teaching. **CBE—Life Sciences Education**, v.17, n. 1, 22 mar. 2018.

ZHANG, L. *et al.* Bioinformatics analysis of metagenomics data of biogas-producing microbial communities in anaerobic digesters: A review. **Renewable and Sustainable Energy Reviews**, Elsevier, v. 100, p 110-126, fev. 2019.

ZHOU, W. *et al.* Integrated bioinformatics analysis to decipher molecular mechanism of compound Kushen injection for esophageal cancer by combining WGCNA with network pharmacology. **Scientific Reports**. v. 10, 29 jul. 2020.