

## OLATCG: FERRAMENTA DE BIOINFORMÁTICA PARA O ENSINO DE GENÉTICA NO ENSINO MÉDIO

## OLATCG: BIOINFORMATICS TOOL TO GENETICS TEACHING IN SECONDARY EDUCATION

## OLATCG: HERRAMIENTA DE BIOINFORMÁTICA PARA LA ENSEÑANZA DE LA GENÉTICA EN LA ENSEÑANZA MEDIA

Anna Carolina de Oliveira Mendes\*  

Amanda Perse da Silva Ramos\*\*  

Luiz Miguel Viana Barbosa\*\*\*  

Maria de Fátima Alves de Oliveira\*\*\*\*  

---

### RESUMO

A Genética é vista como um campo central da Biologia, posto que seu conteúdo transpassa diversas áreas. Nesse cenário, o objetivo do presente estudo foi elaborar uma plataforma de Bioinformática, a OLATCG, para alicerçar uma estratégia didática em aulas de Genética no Ensino Médio. A pesquisa possui caráter descritivo, com abordagem qualitativa, e fora realizada com a participação de nove alunas de uma escola pública federal localizada no Rio de Janeiro. Elaborou-se uma estratégia didática com procedimentos experimentais *in silico* e conduziu-se a sua validação. Com os dados extraídos, analisou-se a estratégia quanto à sua exequibilidade em aulas de Genética. Na validação da estratégia didática, identificou-se que a utilização da plataforma com ferramentas de Bioinformática contribui para o aprendizado de alguns temas de Genética Molecular e de Filogenia, do mesmo modo que oportuniza aos alunos o contato mais estreito com a pesquisa científica, mediante a utilização de temas recorrentes na mídia.

**PALAVRAS-CHAVE:** Bioinformática, ensino de Genética, ensino de Biologia, OLATCG.

---

\* Doutora em Ensino em Biociências e Saúde. Professora EBTT da Fundação Osório. Rua: Paula Ramos, 52- Rio Comprido- Rio de Janeiro, RJ, Brasil, CEP: 20261-210. E-mail mendes.anna.c@gmail.com

\*\* Doutora em Ciências. Professora do Colégio Estadual Rodrigo Otávio Filho- Intercultural Brasil-Itália- Secretaria de Educação do Estado do Rio de Janeiro (SEEDUC)- Rio de Janeiro, RJ, Brasil. Avenida. Monsenhor Félix, 87- Vaz lobo, Rio de Janeiro, RJ, Brasil. E-mail: amandaperse@gmail.com

\*\*\* Graduando em Ciências da Computação- Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ)- Rio de Janeiro, RJ, Brasil Avenida Athos da Silveira Ramos, 274, Cidade Universitária, Rio de Janeiro, RJ. Brasil. CEP: 21.941-916. E-mail: luizmig52@gmail.com

\*\*\*\* Doutora em Ensino em Biociências e Saúde. Docente do Programa de Pós-Graduação em Ensino em Biociências e Saúde da Fundação Oswaldo Cruz (FIOCRUZ)- Rio de Janeiro, RJ, Brasil. Avenida Brasil, 4365-Pav. Arthur Neiva- Manginhos- Rio de Janeiro, RJ, Brasil. E-mail: bioalves@yahoo.com.br

### ABSTRACT

Genetics teaching is considered a key area in Biology, since its contents are covered in many different areas. Given this scenario, this study aimed at developing a bioinformatics platform, the OLATCG, in order to serve as a base to a teaching strategy in Genetics' class in Secondary Education. It was a descriptive study with qualitative approach, and it was carried out with nine female students of a federal school in Rio de Janeiro. We have both written a teaching strategy with *in silico* experimental procedures and carried out its validation. Having data regarding this moment, we have analysed this strategy towards its feasibility in Genetics' classes. The teaching strategy validation has shown that using online platforms with Bioinformatics' tools may contribute to the learning of certain topics in Molecular Genetics and Phylogeny. Likewise, it may allow students to have a closer contact with scientific research through the use of recurrent topics in mainstream media.

**KEYWORDS:** Bioinformatics, Genetics teaching, Biology teaching, OLATCG

### RESUMEN

La enseñanza de la Genética es vista como un área central de la Biología, puesto que su contenido traspasa diversas áreas. Frente a ese escenario, el objetivo del presente estudio fue elaborar una plataforma de Bioinformática, el OLATCG, para fundamentar una estrategia didáctica en clases de Genética en la enseñanza media. La investigación es de carácter descriptivo con abordaje cualitativo y se llevó a cabo con la participación de nueve alumnas de una escuela pública federal ubicada en Río de Janeiro. Desarrollamos una estrategia didáctica con procedimientos experimentales *in silico*, realizamos su validación y, con los datos de ese momento, analizamos la estrategia en cuanto a su viabilidad en clases de Genética. La validación de la estrategia didáctica nos mostró que el uso de la plataforma con herramientas de Bioinformática puede contribuir al aprendizaje de algunos temas de Genética molecular y filogenia, del mismo modo que puede brindar a los estudiantes un contacto más cercano con la investigación científica a través del uso de temas recurrentes en los medios.

**PALABRAS-CLAVE:** Bioinformática, Enseñanza de Genética, Enseñanza de Biología, OLATCG.

## 1 INTRODUÇÃO

A Genética é a área das Ciências Biológicas que estuda os genes em sua estrutura e função (PIERCE, 2012), bem como de que forma se dá a transmissão das características dos organismos vivos, sejam elas morfológicas, fisiológicas e/ou bioquímicas, entre as diferentes gerações. Esse ramo da Biologia disseminou-se na sociedade, de modo amplo, a partir de 2020, período em que a pandemia de COVID-19 trouxe à baila uma gama de terminologias e conceitos, debates sobre sequenciamento, tipos de cepas virais e composição vacinal. Tudo isso tornou-se notícia nos meios de telecomunicação do país.

Entretanto o entendimento dessas informações que chegam a todo momento depende de um conhecimento básico de Genética. É nesse contexto que está inserida a escola e o ensino da disciplina, que atuam como mediadores desse processo de aprendizagem e auxiliam na

compreensão dos termos pelos alunos. Da mesma maneira, facilitam a identificação de uma notícia quando esta traz em seu escopo uma pesquisa séria, de cunho científico, ou apenas uma manchete sensacionalista com *fake News* (notícias falsas).

Apesar dessa relevância, a Genética como componente curricular ainda é tida como uma disciplina que apresenta baixos índices de aprendizagem (TEMP, 2018; LEAL; MEIRELLES; ROÇAS, 2019) – em especial a Genética Molecular. Tal desempenho dos estudantes pode ser reflexo de um modelo de ensino abstrato e baseado apenas nos livros didáticos. Nestes, prima-se pela memorização de conceitos descontextualizados e que não fazem menção ao cotidiano dos alunos, tais como as aulas com cruzamentos das ervilhas de Mendel (LEAL, MEIRELLES & ROÇAS, 2019).

A vinculação dos conteúdos aprendidos nas aulas de Biologia – entre eles a Genética – com o dia a dia dos estudantes contribui para a significação dos conceitos. Conforme retrata Krasilchik (2004, p.57), quanto maior o número de exemplos esses alunos conseguirem acessar, maior será a chance de eles construírem associações e analogias, contextualizando o aprendizado do conteúdo com suas experiências pessoais. E é nessa vertente que se elaborou a Base Nacional Comum Curricular (BNCC, 2017) na área de Ciências da Natureza. A implementação da BNCC impele a adoção de novas metodologias, com o objetivo de garantir que o discente atinja as competências e as habilidades apresentadas em cada conteúdo trabalhado.

Nessa perspectiva, a BNCC ressalta que o acesso aos conhecimentos científicos e a aproximação com processos e procedimentos de investigação científica também devem estar presentes nas aulas de Ciências (BNCC, 2017). Sendo assim, a utilização do Ensino por Investigação (EI) é uma das possibilidades para trabalhar os conteúdos de Genética e Biologia Molecular. Esse é um modelo de ensino que, de acordo com Carvalho (2018), proporciona ao docente a oportunidade não somente de verificar a aprendizagem por parte dos alunos, mas também de observar se eles sabem argumentar, falar, debater, ler e escrever sobre o conteúdo aprendido.

O Ensino de Ciências por Investigação (EnCI) ambiciona conectar os alunos aos processos de descobertas científicas autênticas. Nesse caso, a complexidade do processo científico não deve ser ignorada. Todavia, ao ser transposto, o objetivo é que esse percurso seja fragmentado em unidades menores, mas que possuam uma ligação em comum e que norteiem

os alunos, destacando-lhes os pontos-chave e chamando-lhes atenção às partes centrais do pensamento científico (PEDASTE, 2015).

Deve-se adotar o EnCI mediante a utilização de diferentes estratégias didáticas que tenham como base o aluno protagonista, que atue de modo ativo na produção de seu conhecimento, bem como utilize tópicos e problemas para subsidiar uma investigação com o objetivo de serem solucionados. *Pari passu*, nessa investigação, os alunos devem ser capazes de percorrer as etapas de coleta, análise e interpretação de dados, e o processo deve demandar a formulação de hipóteses do mesmo modo que a comunicação das conclusões, sempre embasadas em evidências observadas ao longo do processo (MELVILLE, *et al.*, 2008).

Nesse contexto, a Bioinformática surge como uma viabilidade para o aluno poder trabalhar com EI ante a proposição de problemas pelos professores – ou por eles mesmos – que lhes estimulem a busca por soluções (MOTA, 2018).

Cabe enfatizar que, como ferramenta didática, a Bioinformática pode proporcionar aos docentes uma nova forma de trabalhar a Genética, bem como oportunizar aos alunos uma melhor visualização de temas abstratos abordados nessa disciplina. Diante de tais constatações, tem-se como objetivo desta pesquisa elaborar uma plataforma de Bioinformática, a OLATCG<sup>1,2</sup>, para alicerçar uma estratégia didática que utiliza o ensino por investigação em aulas de Genética, dentro do componente curricular de Biologia do Ensino Médio. A nomenclatura da plataforma foi dada por uma menção às bases nitrogenadas do DNA, além de ter uma pronúncia fácil e ser convidativa para os alunos. No presente texto, serão apresentados os resultados obtidos ao longo da etapa de validação da estratégia didática.

## 2 BIOINFORMÁTICA NO ENSINO: ALGUNS ASPECTOS

O aumento no número de pesquisas na área das Ciências e o advento de tecnologias, assim como a consolidação da conexão existente entre Ciência, Tecnologia e Sociedade, ocorridos na segunda metade do século XX, aludiram ao aprimoramento das tecnologias computacionais que começavam a ser usadas em diversas áreas de conhecimento. Nesse

---

<sup>1</sup> <https://olatcg.herokuapp.com/>

<sup>2</sup> <https://github.com/LuizMVB/olatcg>

contexto, surge, na década de 1960, a Bioinformática, termo utilizado para se referir à combinação entre Computação, Tecnologia e Biologia Molecular (HAGEN, 2000).

A Bioinformática pode ser entendida como uma área de saber interdisciplinar que visa investigar e desenvolver sistemas que concorram para a compreensão do fluxo de informações, desde os genes até as estruturas moleculares (ATTWOOD *et al.*, 2019) e sua consequente influência nas enfermidades, na saúde e nos estudos ambientais (PEREZLEO SOLÓRZANO *et al.*, 2003). É um campo que engloba pesquisa, desenvolvimento e utilização de ferramentas de computador para o conhecimento de sistemas e processos biológicos, além de ser uma área emergente, pois faz uso da Tecnologia da Informação para distribuir, organizar e analisar informações biológicas. Em outras palavras, é uma tentativa de simplificar e resolver problemas biológicos complexos por meio de sistemas e ferramentas de computação (PRATTA, 2018).

De acordo com Hagen (2000), três fatores contribuíram para a notoriedade da Bioinformática. O primeiro aponta para um aumento significativo no número de sequências de aminoácidos, o que acarreta um expressivo volume de dados a serem trabalhados, tornando a análise inviável sem o poderio de processamento dos computadores. O segundo fator – que se tornou central na área da Biologia Molecular – é a ideia de que macromoléculas carregam a informação biológica. Por último, o terceiro fator é o desenvolvimento de computadores de alta velocidade durante a Segunda Guerra Mundial.

Na década de 1990, com o Projeto Genoma Humano (PGH), o volume de dados e informações obtido nas pesquisas aumentou, assim como a forma de armazenamento foi sendo substituída por bancos de dados, como o *National Center for Biotechnology Information* (NCBI), fundado em 1988. Pode-se afirmar, inclusive, que os dados biológicos atuais utilizados na Bioinformática derivaram de tal projeto, que é agrupado em três subáreas. A primeira, a genômica, abarca as sequências de DNA. A segunda, chamada de proteômica, engloba função, forma e interação de proteínas. A terceira, por fim, é conhecida como sistemas biológicos, que remonta desde a análise do papel até a interação entre proteínas e DNA na função de células, tecidos e organismos (WEFER; SHEPPARD, 2008).

O PGH teve início em 1990 e, em virtude de sua magnitude e complexidade à época, levou mais de dez anos para ser concluído, o que contribuiu sobremaneira para o advento da Bioinformática. O projeto fora iniciado com intuito de determinar toda a sequência de bases do genoma. Não apenas identificar todos os seus genes como também armazenar as informações

em um banco de dados confiável e que possibilitasse ao público o acesso a ele, além de aprimorar a forma como essa análise de dados era feita (FARAH, 2007).

Nas últimas duas décadas, a Bioinformática é vista como essencial à pesquisa no âmbito das Ciências da Vida. Isso traz à tona a necessidade de treinamentos na área em todo o mundo, nos diferentes níveis educacionais, ante a escassez de profissionais habilitados para entender e utilizar os dados gerados. Embora as ferramentas de Bioinformática, os bancos de dados e os princípios estatísticos tenham sido incorporados a alguns programas de educação, a Ciência de Dados ainda é rara nos currículos de Biociências, aumentando a lacuna existente entre a teoria acadêmica e a prática observada em universidades e escolas (ATWOOD *et al.*, 2019).

A popularização das informações relativas a dados biológicos nas atividades escolares, em especial na Genética, colabora para que a população tenha um conhecimento básico dessa área, auxiliando sua compreensão – desde a estrutura molecular do DNA até os mecanismos envolvidos na transmissão das características hereditárias. Nesse cenário, a escola atuará como ponte, propiciando aos alunos ferramentas para a construção desses conceitos e, por conseguinte, uma diminuição nas lacunas observadas.

### 3 PERCURSO METODOLÓGICO

Este estudo, parte integrante da tese de doutorado da primeira autora, sob orientação da última, foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa da Fundação Oswaldo Cruz e protocolado com a identificação do Certificado de Apresentação de Apreciação Ética (CAAE): 29017320.0.0000.5248, número do parecer: 3.970.858. Constitui um trabalho de caráter descritivo com abordagem qualitativa. A pesquisa, em conjunto com todos os objetivos dela, foi apresentada aos alunos participantes antes da entrega do Termo de Consentimento Livre e Esclarecido (TCLE). Do mesmo modo, eles foram informados acerca da possibilidade de desistirem a qualquer tempo, sem prejuízos de qualquer ordem. O contexto do estudo fora uma escola pública federal localizada na cidade do Rio de Janeiro.

A pesquisa com abordagem qualitativa visa à produção de conhecimento ou à concepção de uma teoria sobre a realidade educativa (MASSONI & MOREIRA, 2017, p.126). Outrossim, investigações com esse tipo de abordagem denotam uma flexibilidade no que tange à construção e à modificação de hipóteses. Portanto, procuram compreender as nuances que acontecem nos

processos comunicativos, comportamentais e das relações sociais que ocorram na realidade da educação (CHARMAZ, 2009).

#### 4 PLATAFORMA OLATCG

OLATCG é uma plataforma criada para alicerçar estratégias didáticas que envolvam a utilização da Bioinformática na sala de aula. Sua finalidade é apresentar conceitos de Bioinformática a alunos do Ensino Médio e prover a eles capacidade analítica e conhecimentos suficientes para resolução e/ou interpretação das questões-problema utilizadas na pesquisa da tese de doutorado que a originou, bem como situações relativas à área, trabalhadas em um escopo educacional.

A aplicação web possui um conjunto de ferramentas que se relacionam de forma didática, em que o aluno pode aprender sobre os conceitos que serão abordados na interação em sala de aula. O objetivo era que os estudantes conseguissem, por meio de uma interface de fácil utilização, aprender na prática os processos para a criação de hipóteses em Bioinformática.

Nessa perspectiva, a democratização do uso das ferramentas computacionais destaca-se como motivadora para a elaboração dessa plataforma. Dentre os empecilhos para que os alunos do Ensino Médio aprendam por meio de estratégias baseadas na resolução de problemas com relação à Bioinformática encontram-se: 1) a capacidade de processamento computacional e 2) o conhecimento prévio em Tecnologia da Informação para realizar a pré-configuração necessária à utilização das ferramentas disponíveis na academia. Por meio de uma interface web, ambas as questões são sanadas baseando-se em dois temas principais: hospedagem e abstração de processos.

Ao se disponibilizar o site em uma hospedagem on-line, o aspecto referente ao processamento é terceirizado – o aluno não mais será o responsável por executar as interações localmente. Todas as requisições necessárias para a obtenção de dados podem ser realizadas por meio do consumo de uma *Application Programming Interface* (API). Ela foi desenvolvida para fins didáticos e utiliza o processamento de um provedor de serviço de hospedagem – uma plataforma em nuvem dedicada a oferecer serviços a uma rede de clientes. Assim, o processamento das informações no *pipeline* planejado para a interação com os alunos fica a cargo do serviço ofertado nesse processo, podendo ser calculado e planejado conforme a quantidade de usuários.









Nessa etapa, as discentes foram convidadas a avaliarem a estratégia com foco na exequibilidade, na usabilidade e na amigabilidade da OLATCG e das outras ferramentas apresentadas. Do mesmo modo, elas deveriam examinar a interpretação e o entendimento dos comandos das questões-problema envolvidas e se a utilização dessa estratégia auxiliaria no aprendizado de Genética.

Com foco na proposta do estudo de uma aprendizagem colaborativa, as alunas foram divididas em três grupos (I, II e III). Cada um deles analisou uma das questões-problema da pesquisa (1, 2 e 3, respectivamente). Em seguida, os grupos apresentaram as soluções desses questionamentos de forma oral, gravada e transcrita. Cabe ressaltar que, por razões editoriais, somente exibir-se-ão as análises referentes à apresentação do grupo I.

A estratégia didática delineada nos moldes do EI foi dividida em 12 aulas, conforme apresentado no Quadro 1. Oito delas destinaram-se ao desenvolvimento da prática; duas, à retirada de dúvidas pelos alunos, caso apresentassem dificuldades em alguns dos softwares necessários para a realização das análises; e as duas finais, à apresentação sobre o caminho de pesquisa escolhido pelos alunos para responderem às questões-problema apresentadas.

ETAPA	ATIVIDADE	NÚMERO DE AULAS (50' CADA)
1	<b>Parte teórica:</b> histórico de conceitos de Biologia Molecular (DNA, Ácido Ribonucleico (RNA), Transcrição, Tradução e PGH) e introdução à Bioinformática. <b>Parte prática:</b> ferramenta de identificação de Start/Stop códon ( <b>ORFfinder</b> ) e ferramenta de análise estrutural de proteínas ( <b>Swiss model</b> ) e <b>OLATCG</b> .	2
2	<b>Parte teórica:</b> mutação e seus diversos tipos e alinhamento de sequências. <b>Parte prática:</b> ferramenta <b>OLATCG</b> .	2
3	<b>Parte teórica:</b> filogenia molecular rápida e prática, apresentação de diferentes bancos de dados de sequência com foco no GeneBank (NCBI) e busca por homologia. <b>Parte prática:</b> entregar as sequências a serem trabalhadas e tempo para a exploração das ferramentas apresentadas. Ferramentas: <b>NCBI e OLATCG</b> .	2
4	<b>Parte prática:</b> árvores filogenéticas. Ferramenta: <b>OLATCG</b> .	2
5	<b>Aulas de dúvidas:</b> momento reservado para os alunos esclarecerem dúvidas sobre o funcionamento dos softwares que implicassem o desenvolvimento da pesquisa.	2
6	Apresentação dos resultados e das respostas das questões-problema apresentadas.	2

**Quadro 1** – Resumo do delineamento metodológico da estratégia didática.

Fonte: Autores

As aulas teóricas e práticas descritas no Quadro 1 configuram a sequência executada com os alunos para que eles compreendessem as ferramentas de Bioinformática e pudessem

testá-las. Ao longo das aulas – ou após todos esses momentos – os alunos, separados em grupos, trabalharam com a sua questão-problema – entregue no primeiro dia da sequência didática. Cada questão fora pensada para que os grupos promovessem debates entre si em busca do melhor caminho metodológico a ser seguido para a resolução do problema.

A questão-problema a ser apresentada neste estudo foi realizada pelo grupo I e recebeu o título *2dias-48h= genoma do Sars-Cov2 Sequenciado por equipe brasileira*, e no seu texto trazia:

O primeiro caso de COVID-19 no Brasil (BR1) teve diagnóstico molecular confirmado no dia 26 de fevereiro pela equipe do Instituto Adolfo Lutz em São Paulo. Trata-se de um paciente infectado na Itália, possivelmente entre os dias 9 e 21 de fevereiro de 2020. O sequenciamento do genoma viral foi conduzido por uma equipe coordenada por Claudio Tavares Sacchi, responsável pelo Laboratório Estratégico do Instituto Adolfo Lutz (LEIAL), e Jaqueline Goes de Jesus, pós-doutoranda na Faculdade de Medicina da Universidade de São Paulo (USP) e bolsista da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP).

Sequenciamento genético seria a forma de demonstrar a sequência de bases nitrogenadas de um genoma qualquer, essas bases representadas pelas letras A, T, C, G e U. No caso da COVID-19, o genoma é constituído por RNA fita simples, ou seja, sua sequência só envolve as bases A, U, C e G. O objetivo é conhecer a informação genética contida nesta estrutura. As metodologias utilizadas e responsáveis por nos fornecerem essas informações determinam, para cada uma das bases, uma informação referente à sua qualidade (confiabilidade). As primeiras técnicas de sequenciamento de genoma datam da década de 1970 e, desde então, passamos da escala de sequenciamento de poucas kilobases para o sequenciamento de genomas inteiros em curto período. Após o sequenciamento das amostras, os genomas são depositados em banco de dados disponíveis para consulta pública.

Conhecer o genoma do vírus é extremamente relevante para o controle da doença: seja para classificar e entender o agente e como ele se comporta epidemiologicamente, além de identificar suas relações filogenéticas. Com base nessas informações, supondo que você, Biomédico com mestrado e doutorado em Biologia molecular, foi contratado pela *Applied Biosystems*® como parte da expansão empresarial na área de Biologia molecular ocorrida no último ano (2020) devido à pandemia de COVID-19 e a necessidade de mão de obra qualificada. Como já muito discutido nos últimos dezoito meses, os sintomas de COVID são muito similares aos de gripe, deixando a população confusa sobre o que está tendo naquele momento. A indicação médica inicialmente é que, em caso de sintomas gripais, deve-se tentar manter o isolamento por 10 dias. Porém, com relação ao diagnóstico, este pode ser feito de maneira específica, por meio de um teste de PCR. Em uma situação hipotética, partimos da premissa de que, por praticamente causarem os mesmos sintomas, os vírus são descendentes do mesmo ancestral, demonstrando uma proximidade filogenética. Na última reunião de equipe, algumas solicitações lhe foram feitas, dentre elas analisar as sequências da tabela disponibilizada na questão para responder à questão. Justifique a sua resposta e elabore um relatório para apresentar à equipe sobre os caminhos que o levaram à conclusão!

ID	Sequência
1	ATTAAAGGTTTATACCTTCCAGGTAACAAACCAACCACTTTCGATCTCTTGTAGATCTGTTCTCTAAACGAACCTTTAAAATCTGTGTGGCTGTCACTCGGCTGCATGCTTAGTGCACCTCACGCGTATAATTAATAACTAATTACTGTCGTTGACAGGACACGAGTAACTCGTCTATCTTCTGCAGGCTGCTTACGGTTTCGTCCGTG

2	ACCTTCCCAGGTAACAAACCAACCAACTTTCGATCTCTTGTAGATCTGTTCTCTAAACGAACT TTAAAATCTGTGTGGCTGTCACCTCGGCTGCATGCTTAGTGCACCTCACGCAGTATAATTAATA CTAATTACTGTCGTTGACAGGACACGAGTAACTCGTCTATCTTCTGCAGGCTGCTTACGGTTT CGTCCGTGTTGCAGCCGATCA
3	ACCAACCAACTTTCGATCTCTTGTAGATCTGTTCTCTAAACGAACTTTAAAATCTGTGTGGCT GTCACCTCGGCTGCATGCTTAGTGCACCTCACGCAGTATAATTAATAACTAATTACTGTCGTTGA CAGGACACGAGTAACTCGTCTATCTTCTGCAGGCTGCTTACGGTTTTCGTCCGTGTTGCAGCCG ATCATCAGCACATCTAGGTTT
4	GGTTTACCTTCCCAGGTAACAAACCAACCAACTTTCGATCTCTTGTAGATCTGTTCTCTAAA CGAACTTTAAAATCTGTGTGGCTGTCACCTCGGCTGCATGCTTAGTGCACCTCACGCAGTATAAT TAATAACTAATTACTGTCGTTGACAGGACACGAGTAACTCGTCTATCTTCTGCAGGCTGCTTA CGTTTTCGTCCGTGTTGCAG
5	GAACAAAAGATCGCTGAGATTCCTAAAGAGGAAGTTAAGCCATTTATAACTGAAAGTAAACC TTCAGTTGAACAGAGAAA
6	GAACAAAAGATCGCTGAGATTCCTAAAGAGGAAGTTAAGCCATTTATAACTGAAAGTAAACC TTCAGTTGAACAGAGAAA

**Quadro 2** – Fragmentos de sequências genéticas utilizadas na questão-problema.

Fonte: GenBank.

## 6 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os alunos, caso possuíssem dúvidas sobre a atividade, poderiam saná-las no encontro 5, como demonstrado no Quadro 1. O grupo I trouxe para esse momento algumas inquietações as quais identificaram no momento da resolução da questão-problema. Tais colocações embasaram reflexões necessárias a serem feitas para o aprimoramento da plataforma.

O grupo identificou que a árvore filogenética gerada pela questão mostrava diferenças entre as sequências entregues com ancestrais distintos. Porém as alunas não entendiam tal diferença quando confrontavam esse resultado com o obtido na busca homóloga na plataforma. Isso porque, durante essa busca, a análise das sequências lastreia-se em um banco de dados pequeno e cadastrado com poucas sequências, ainda que todas completas e com a mesma taxonomia. Desse modo, não existia diferenciação entre as cepas e/ou as localidades onde foram descritas.

Esse foi um dado importante, pois, em muitos momentos na sala de aula, as filogenias são apresentadas de forma estática e descontextualizada, tornando a interpretação reducionista. Com base nesses dados, as alunas tiveram a percepção de uma árvore que identificava as diferenças. Contudo, uma vez confrontadas com a busca homóloga, causava-lhes confusão. De acordo com Klepka & Corazza (2018, p.133):

A Sistemática Filogenética é um método das áreas taxonômicas e sistemáticas, construída sobre as bases da evolução. Ela mobiliza característica em diversos níveis, sejam anatômicos, fisiológicos, ecológicos, genéticos, entre outros. E o teste das relações entre os indivíduos com base nessas características é que gera a

representação. Portanto, uma árvore filogenética não é única, muito menos neutra. Ela é a representação de um pesquisador, segundo as hipóteses e dados que testou. Assim, ao apresentar “apenas” cladogramas ou árvores filogenéticas para serem interpretadas no ensino, como figuras neutras, imutáveis e descontextualizadas, cai-se no mesmo reducionismo que tentamos combater há décadas na ciência.

Portanto, ter a possibilidade de, mediante a inserção de dados, gerar árvores torna o ensino dinâmico e contribui para a significação desse aprendizado. Como nas questões-problema disponibilizaram-se pequenos fragmentos de cada sequência, ao utilizar a OLATCG, o resultado obtido deixava o grupo confuso. Esse dado permitiu que se repensasse a forma de apresentação da tabela de busca homóloga, bem como cadastrasse as sequências com as especificidades de local e cepa, tornando o entendimento mais fluido. Tais ações foram feitas posteriormente.

No dia da apresentação oral das análises, as participantes do grupo 1 sinalizaram terem gostado da contextualização da questão-problema, uma vez que se sentiram importantes sendo “biomédicas”. Todavia sentiram dificuldade no comando da questão, visto que esperavam ter uma pergunta pronta para responder. Como o objetivo era que o grupo delineasse uma investigação – procedimento pouco utilizado nas aulas, de acordo com as alunas – elas não compreenderam na primeira leitura. Mas, ao realizarem um debate, conseguiram chegar a uma conclusão e, então, elaborar um plano de ação para resolver o problema proposto.

Embora gere um “desconforto” inicial, a utilização de um problema para a execução de uma atividade ou a apresentação de um conteúdo em sala de aula é uma possibilidade de trabalhar com metodologia ativa. Isso força o aluno a não se guiar pelo modelo memorístico de aprendizagem, o que contribui para despertar nele habilidades e capacidades investigativas seguindo métodos e sistemas. Ademais, os estudantes trabalham em grupo de forma colaborativa e buscam alcançar resultados de pesquisa de modo que complementem sua aprendizagem individual (SOUZA & DOURADO, 2015).

O caminho percorrido para a solução da questão-problema, apresentado de forma oral pelo grupo, foi transcrito e analisado. De início, a fala do grupo ao correlacionar a situação proposta com o cotidiano chamou atenção, tal como se observa nos relatos indicados pelo grupo I:

*Algo que nos chamou atenção na questão é dizer que os sintomas de Covid e Influenza são muito parecidos. Ali pensamos isso nós sabemos, pois vemos toda hora na notícia da TV ou no Instagram... (Grupo I)*

*Não sabemos explicar se o fato de os sintomas serem próximos os faz ter ancestral comum, mas achamos bonitinho ver na árvore, principalmente que os de gripe estavam separados dos de covid e parece que tudo começa a fazer sentido em como diagnosticar. Acreditamos que provavelmente no início da covid*

*isso tenha sido feito, tenham comparado as sequências descobertas com sequências já existentes para que pudessem identificar os parentescos e daí sim buscar vacina, entendimento etc. (Grupo I).*

Uma vez que se pensa na concepção de ensino de Ciências, vem à tona o olhar de Sasseron & Carvalho (2011). As autoras defendem o uso da expressão Alfabetização Científica (AC) e apresentam uma visão de ensino de Ciências voltado para o Letramento Científico (LC), desde que seja considerado um conjunto de práticas a subsidiarem as ações das pessoas tão logo elas interagem com seu mundo e os conhecimentos dele. Nesse sentido, assim que os estudantes – ao longo ou após a realização de uma prática – conseguem transpor o que está sendo estudado para sua realidade (como ocorrido no grupo I), infere-se que o modelo de ensino estava voltado para o LC, objetivo da Base Nacional Curricular (BNCC, 2017) para o ensino de Ciências.

Sasseron & Carvalho (2008) ainda pontuaram três eixos estruturantes da AC. Dentre eles, cabe destacar que o segundo preocupa-se com a “compreensão da natureza da ciência e dos fatores éticos e políticos que circundam sua prática”. Para as autoras, é relevante o contato com a forma como as investigações científicas são realizadas, visto que serão elas as norteadoras da reflexão e da resolução de situações diárias que envolvam os conhecimentos científicos ou aqueles que advenham deles. Observar o grupo associar a prática de elucidação de uma questão-problema, utilizando simulações, à técnica dos cientistas nos estudos referentes ao SARS-CoV-2 sugere a compreensão que alicerça o segundo eixo trazido pelas autoras.

Os estudantes, diante de uma prática de ensino por investigação, devem criar a percepção de que o procedimento científico, bem como a prática investigativa, transpassa o “descobrir coisas” ou até mesmo o “fazer experimentos”. De uma forma aproximada, os discentes devem compreender que a “mera” observação dos fenômenos não basta (SUTTON, 2003) nem o relato em si das etapas de forma desconexa, apenas para responder ao que é solicitado. É preciso que ocorra o debate entre os pares no trabalho em grupo, na pesquisa, na criação da linguagem científica e na habilidade de comunicar a Ciência para que mais debates sejam promovidos.

Nesse sentido, observar a forma como o grupo lidou com a resolução suscitou quão promissora é uma prática de ensino por investigação que demanda uma aprendizagem colaborativa. Isso porque a troca observada entre os pares enriquece não só a construção do caminho metodológico, mas também colabora para um aprendizado com significado por parte dos integrantes do grupo. Alguns trechos dessa resolução podem ser observados abaixo:

*Algo que nos chamou atenção... Como a questão sinaliza que por terem os mesmos sintomas eles são oriundos do mesmo ancestral, a gente ficou pensando em como analisar isso! Já que teríamos que buscar uma forma de ver se eles possuíam ou não o mesmo ancestral, buscamos as aulas teóricas e em uma delas que relembramos muito as aulas de taxonomia, ali lembramos que pra buscar ancestralidade devemos fazer uma filogenia... tá, beleza, mas como? Risos...*

*Então, como a gente fez... a gente fez o sequenciamento genético lá na ferramenta de busca homóloga com a sequência que a gente pegou da questão problema e a gente analisou cada semelhança que foi apresentada em cada um dos sequenciamentos e depois a gente colocou na árvore filogenética e de cara confesso que não conseguíamos interpretar e aí tivemos que debater juntas e olhar vídeos no YouTube pra que fizesse sentido a interpretação!*

*Assim, a gente começou a analisar algumas proximidades, algumas igualdades entre as cepas e aí a gente viu um ancestral comum neh?! Através dessa arvorezinha lá embaixo a gente foi vendo a ancestralidade de cada um, deduzimos que os dois tipos de vírus influenza que apareceram nas nossas análises agruparam separados dos de covid, mas observamos uma ancestralidade comum com uma amostra de covid peruana. Não sabemos explicar se o fato de os sintomas... (Grupo I).*

Com base no princípio de que a argumentação está relacionada de modo intrínseco à capacidade de os alunos levantarem hipóteses, analisou-se a apresentação do grupo com amparo na busca por elementos presentes no modelo argumentativo de Toulmin – TAP (TOULMIN, 2006). Tal modelo propõe um padrão de argumento composto por cinco elementos: os dados, as conclusões, as justificativas (também chamadas de garantias), o conhecimento anterior (ou apoio) e os qualificadores, que podem tanto enfatizar a afirmação proposta quanto refutá-la. A análise da resposta à questão-problema do grupo permitiu observar os seguintes itens: dado, garantia, conclusão e um qualificador.

No que tange ao dado, tem-se que: “*os sintomas de Covid e Influenza são muito parecidos...por terem os mesmos sintomas eles são oriundos do mesmo ancestral...*”

Quanto à garantia:

*Já que teríamos que buscar uma forma de ver se eles possuíam ou não o mesmo ancestral, buscamos as aulas teóricas e em uma delas que relembramos muito as aulas de taxonomia, ali lembramos que pra buscar ancestralidade devemos fazer uma filogenia...*

A conclusão:

*Assim, a gente começou a analisar algumas proximidades, algumas igualdades entre as cepas e aí a gente viu um ancestral comum neh?! Através dessa arvorezinha lá embaixo a gente foi vendo a ancestralidade de cada um, deduzimos que os dois tipos de vírus influenza que apareceram nas nossas análises agruparam separados dos de covid, mas observamos uma ancestralidade comum com uma amostra de covid peruana.*

E, por fim, um qualificador:



*Parece que tudo começa a fazer sentido em como diagnosticar. Acreditamos que provavelmente no início da covid isso tenha sido feito, tenham comparado as sequências descobertas com sequências já existentes para que pudessem identificar os parentescos e daí sim buscar vacina, entendimento etc.*

Como uma prática epistêmica da Ciência, a argumentação deve ser, pois, incluída nos planejamentos de aula dos diferentes níveis de ensino. Decorre disso a necessidade do desenvolvimento de atividades didáticas que, além de envolverem a investigação científica, lancem mão da aprendizagem colaborativa como a estratégia desenvolvida neste estudo. Sob essa ótica, a argumentação pode ser uma chave que conecta a Ciência às demais esferas da sociedade – em especial à escola – que simboliza uma zona fronteira entre a cultura científica e a cultura escolar (SCARPA, 2015).

Ao fim das apresentações, os grupos fizeram uma análise geral da ferramenta utilizada para a realização das questões-problema, sinalizando o auxílio que o instrumento proporciona ao ensino de Genética. Para o grupo I, as alunas acharam o OLATCG uma boa ferramenta para o aprendizado e sentiram curiosidade para aprender mais sobre a temática, além de terem buscado material complementar. Elas acharam a experiência de manusear uma plataforma que utiliza assuntos tão complexos interessante e gostariam de usá-la em uma aula.

O nível de abstração da Genética, tal qual de outras áreas da Biologia, como Biologia Molecular, proporciona a utilização de tecnologias nas aulas, e a Bioinformática é, pois, uma das formas de fazer isto (CASTRO *et al.*, 2020), de possibilitar aos alunos uma inserção tecnológica e de proporcionar momentos mais atrativos para contribuir para o seu aprendizado.

## **7 CONSIDERAÇÕES FINAIS**

O presente trabalho apresentou uma estratégia cuja abordagem didática do Ensino de Ciências por Investigação foi construída com a utilização de problemas de pesquisa a serem solucionados pelos alunos. No entanto, apesar de toda a sua potencialidade no ensino de Biologia na perspectiva do Letramento Científico, sua implementação com as alunas fora pautada em uma conversa inicial motivadora, demonstrando o ganho de conhecimento na condução de uma investigação de forma colaborativa. Isso se deu em virtude de as discentes esperarem uma pergunta com solução pronta de resposta, conforme é visto em salas de aula.

Tão logo iniciada a estratégia, as trocas, os questionamentos, as ações e as reflexões sobre o passo a passo do processo investigativo contribuíram para a construção do

conhecimento e o desenvolvimento de habilidades concernentes ao que preconiza a BNCC para o ensino de Biologia, o que garantiu uma resposta positiva das nove alunas envolvidas.

A etapa de validação da estratégia didática, proposta em associação à plataforma OLATCG, permitiu acessar a percepção das alunas participantes acerca da utilização dessas ferramentas no ensino de Genética. Elas avaliaram a prática como positiva por conhecerem as ferramentas usadas em pesquisa e por manusearem a OLATCG, assim como as aulas teóricas. As alunas associaram a participação nessas atividades a momentos de redução da abstração existente no ensino de Genética Molecular.

Com a implementação da BNCC (2018) nos currículos e nos livros didáticos do Programa Nacional do Livro Didático (PNLD) (2021), espera-se que os docentes busquem novas ferramentas facilitadoras de aprendizagem e consigam construir aulas com maior contextualização dos temas relativos à Genética. Da mesma maneira, que eles consigam, após a experenciação “obrigatória” do ensino remoto/híbrido ao longo da pandemia, associar essas ferramentas ao uso da tecnologia como coadjuvante nas aulas.

A análise da apresentação oral do grupo I sobre o caminho escolhido para responder à questão-problema da pesquisa mostrou-se promissora. Tal fato demonstra um nível de argumentação embasado nos principais elementos do padrão argumentativo de Toulmin, sinalizando como positiva a estratégia didática. Entrementes, faz-se necessária uma avaliação continuada da utilização da OLATCG com as alunas, confrontando-as com outras situações-problema que envolvam a temática em pauta ao longo das aulas de Biologia para uma análise prospectiva do impacto dessa plataforma nas aulas de Genética.

## REFERÊNCIAS

ATWOOD, T.K; BLACKFORD, S.; BRAZAS, M.D.; DAVIES, A.; SCHNEIDER, M.V. A global perspective on evolving bioinformatics and data science training needs. **Briefings in Bioinformatics**, Londres, OUP. v.20, n.2, p. 398–404, mar. 2019.

<https://doi.org/10.1093/bib/bbx100>

BRASIL. Ministério da Educação/CNE. **Base Nacional Comum Curricular**. Parecer CEB Nº 2, **Brasília**: MEC, 2017. Disponível em: <http://portal.mec.gov.br/docman/setembro-2020-pdf/156861-pceb002-20/file>.

CASTRO, J.A.; DOS SANTOS, M.C.; RAMALHO, S.A.; CHAVES, J.L. Bioinformática como Objeto de Aprendizagem Digital (OAD) para o ensino da Biologia Molecular. **Boletim Técnico do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Baiano**. Governador Mangabeira, n.1. 2020. 33p. Disponível em: <https://bityli.com/JEkaUJB>. Acesso em 28 de out. de 2020.

CHARMAZ, K. **A construção da teoria fundamentada: guia prático para análise qualitativa**. Editora Penso: Porto Alegre. 2009. 272p.

DILLENBOURG, P. What do you mean by “collaborative learning”? In: Pierre Dillenbourg (Ed.). **Collaborative-learning: Cognitive and Computational Approaches**. Oxford: Elsevier, p.1-19. 1999.

FARAH, S.B. **DNA: Segredos e Mistérios**. São Paulo: Sarvier, 2007.

HAGEN, J.B. The origins of bioinformatics. **Nature Reviews Genetics**. Londres, Nature. v.1, p.231–236. dez. 2000. <https://doi.org/10.1038/35042090>.

JÚNIOR, J.A.B.; MATSUDA, L.M. Construção e validação de instrumento para avaliação do Acolhimento com Classificação de Risco. **Rev Bras Enferm**, Brasília, v. 65, n. 5, p. 751-757, set-out, 2012. <https://doi.org/10.1590/S0034-71672012000500006>

KLEPKA, V.; CORAZZA, M. J. A natureza da classificação dos seres vivos na Grécia antiga. **Diálogos**, v. 22, n. 2, p. 202-224, 27 set. 2018. Disponível em: <https://periodicos.uem.br/ojs/index.php/Dialogos/article/view/41453>. Acesso em: 14 de jun. de 2021.

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

KUMAR, S.; NEI, M., DUDLEY, J.; TAMURA, K. MEGA: a biologist-centric software for evolutionary analysis of DNA and protein sequences. **Briefings in bioinformatics**, Oxford, OUP, n.9, v.4, p.299–306. 2008. <https://doi.org/10.1093/bib/bbn017>.

LEAL, C.A.; MEIRELLES, R. M. S. de; RÔÇAS, G. O que estudantes do Ensino Médio pensam sobre Genética? As concepções discentes baseadas pela metodologia análise de conteúdo. **Revista Eletrônica Científica Ensino Interdisciplinar**, Mossoró, UFRN. v.5, n. 13, p.71-86. fev. 2019. Disponível em: <http://natal.uern.br/periodicos/index.php/RECEI/article/view/1658/2271>. Acesso em 14 de abr. de 2020.

MASSONI, N. T.; MOREIRA, M. A. Editora Livraria da Física, 2017.

MELVILLE, W.; FAZIO, X.; BARTLEY, A.; JONES, D. Experience and reflection: preservice science teachers’ capacity for teaching inquiry. **Journal of Science Teacher Education**, [s.l.], [s.n.], v.19, n.5, p.477-94, 2008.

MOTA, E.S. **Bioinformática no ensino de genética para o curso de graduação de Ciências Biológicas sob metodologia ativa**. São Cristóvão, SE, 2018. Monografia (licenciatura em Ciências Biológicas) – Departamento de Biologia, Centro de Ciências Biológicas e da Saúde, Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão, 2018. Disponível em: <https://ri.ufs.br/handle/riufs/9629>. Acesso em: 31 de jul. de 2021.

PEDASTE, M.; MÄEOTS, M.; SIIMAN, L.A.; *et al.* Phases of inquiry-based learning: Definitions and the inquiry cycle. **Educational Research Review**. [s.l.], [s.n.], n.14, p.47-61, 2015.

PEREZLEO SOLÓRZANO, L.; ARENCIBIA-JORGE, R.; CONILL GONZÁLEZ, C.; ACHÓN VELOZ, G.; ARAÚJO RUIZ, J.A. Impacto de la bioinformática en las ciencias biomédicas. **Acimed**, [s.l.], [s.n.], n.11, v.4, 2003. Disponível em: <https://pesquisa.bvsalud.org/portal/resource/pt/lil-627757>. Acesso em: 22 de mai. de 2020.

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

PRATTA, G.R. Genética molecular, genômica y bioinformática. **Journal of Basic Applied Genetics**. [s.l.], [s.n.], v. 29, n. 1, p. 59-65, 2018. Disponível em: <http://www.scielo.org.ar/pdf/bag/v29s1/v29s1a06.pdf>. Acesso em: 11 de jul. de 2020.

SASSERON, L.H.; CARVALHO, A.M.P. Alfabetização científica: uma revisão bibliográfica. **Investigações em Ensino de Ciências**. Porto Alegre: UFRGS. v.16, n.1, p. 59-77, 2011.

SCARPA, D.L. O papel da argumentação no ensino de ciências: lições de um workshop. **Ensaio Pesquisa em Educação em Ciências**. Belo Horizonte, UFMG, v.17, n. ESPECIAL, p.15-30. 2015. <https://doi.org/10.1590/1983-2117201517s02%20>.

SOUZA, S.C. de; DOURADO, L. Aprendizagem baseada em problemas (ABP): Um método de aprendizagem inovador para o Ensino Educativo. **HOLOS**, [S. l.], v. 5, p. 182–200, 2015. <https://doi.org/10.15628/holos.2015.2880>.

STAHL, G. A decade of CSCL. **International Journal of Computer-Supported Collaborative Learning**, [s.l.], [s.n.]. v.10, n.4, p.337-344. 2015. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11412-015-9222-2>. Acesso em: 3 de out. de 2020.

SUTTON, C. Los profesores de ciencias como profesores de lenguaje. **Enseñanza de las Ciencias**, Vigo (Espanha), UVIGO, v.21, n. 1, p. 21-25, 2003. Disponível em: <https://www.raco.cat/index.php/Ensenanza/article/download/21883/21717>.

TEMP, D. S.; BARTHOLOMEI-SANTOS, M. L. O ensino de Genética: a visão de professores de Biologia. **Rev.Cient. Schola**, Santa Maria, CMSM. v.2, n.1, p. 83-95, 2018. Disponível em: [https://bit.ly/tempds\\_bartholomei-santosml2018](https://bit.ly/tempds_bartholomei-santosml2018). Acesso em: 2 de abr. de 2021.

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

WEFER, S.H.; SHEPPARD, K. Bioinformatics in high school biology curricula: a study of state science standards. **CBE – Life Sciences Education**, Bethesda (EUA), ASCB. n.7, v.1, p.155-162. 2008. <https://doi.org/10.1187/cbe.07-05-0026>.

## APÊNDICE 1

### AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem ao Programa de Pós-graduação em Ensino em Biociências e Saúde do Instituto Oswaldo Cruz (PPGEB/IOC/Fiocruz), uma vez que a plataforma OLATCG foi desenvolvida durante o curso de doutorado de uma das autoras do presente trabalho. Aos alunos envolvidos nos episódios pedagógicos realizados durante a fase de desenvolvimento da plataforma OLATCG. À Administração da Fundação Osório e do Centro Federal de Educação Tecnológica Celso Suckow da Fonseca, por permitirem que a pesquisa fosse realizada com seus alunos e por último ao Dr. Ulisses Rocha e sua equipe da UFZ, Leizing, na Alemanha, onde este projeto surgiu pela primeira vez como um estudo colaborativo.

### FINANCIAMENTO

“Financiado pelos próprios autores”.

### CONTRIBUIÇÕES DE AUTORIA

Resumo/Abstract/Resumen: Amanda Perse da Silva Ramos e Luiz Miguel Viana Barbosa

Introdução: Amanda Perse da Silva Ramos

Referencial teórico: Anna Carolina de Oliveira Mendes e Maria de Fátima Alves de Oliveira

Análise de dados: Anna Carolina de Oliveira Mendes e Luiz Miguel Viana Barbosa

Discussão dos resultados: Anna Carolina de Oliveira Mendes, Amanda Perse da Silva Ramos

Conclusão e considerações finais: Anna Carolina de Oliveira Mendes e Amanda Perse da Silva Ramos

Referências: Luiz Miguel Viana Barbosa

Revisão do manuscrito: Maria de Fátima Alves de Oliveira

Aprovação da versão final publicada: Anna Carolina de Oliveira Mendes e Maria de Fátima Alves de Oliveira.

### CONFLITOS DE INTERESSE

Os autores declararam não haver nenhum conflito de interesse de ordem pessoal, comercial, acadêmico, político e financeiro referente a este manuscrito.

### DISPONIBILIDADE DE DADOS DE PESQUISA

Todos os dados que dão suporte à pesquisa foram disponibilizados no próprio artigo. Para o desenvolvimento do OLATCG, foram utilizadas algumas ferramentas: o *frontend* foi desenvolvido utilizando a biblioteca *JavaScript@React* (2021) para construção de interfaces de usuário *React* e alguns elementos visuais do *framework CSS Materializecss* (2021), que se baseia nos conceitos do *Material Design@*, tendo sido criado e desenvolvido pelo *Google@* com vistas à portabilidade em diversos dispositivos diferentes. O *backend* foi desenvolvido utilizando a Linguagem de Programação *Python* e o *microframework Flask* (2021) para tratar da conexão por meio de uma API e da comunicação do cliente com a camada de modelo, onde a lógica por trás das ferramentas são executadas por intervenção de *endpoints* e requisições HTTP (Protocolo de Transferência de Hipertexto). No *backend* também está presente um modelo de banco de dados, esquema criado utilizando *SQLite3* (2021), em que são armazenados dados das interações com o usuário.

Com relação ao módulo de apresentação e para a exibição de Árvores Filogenéticas, é utilizada a ferramenta *PhyloCanvas*, que é mantida pelo *Centre for Genomic Pathogen Surveillance* (2021). Na API, os modelos foram construídos utilizando-se o pacote *Python ScikitBio* (2021) de código aberto e licenciado pela BSD (*Berkeley Software Distribution*), que fornece estruturas de dados, algoritmos e recursos educacionais para bioinformática. O OLATCG foi disponibilizado em código aberto no *GitHub* (2021), uma plataforma de hospedagem de códigos-fonte e arquivos que usa o sistema de versionamento GIT e seu *deploy* (quando a aplicação foi disponibilizada para o uso) foi realizado utilizando *Heroku*, uma plataforma em nuvem como um serviço que suporta várias linguagens de programação (2021). No artigo os dois *sites* foram disponibilizados, o do *Heroku* e o GIT (para ser acessado caso ocorra alguma dificuldade de acesso pelo primeiro).

### CONSENTIMENTO DE USO DE IMAGEM

Não se aplica.

### APROVAÇÃO DE COMITÊ DE ÉTICA EM PESQUISA

A pesquisa foi aprovada pelo Comitê de Ética em Pesquisa do Instituto Oswaldo Cruz (IOC) da Fundação Oswaldo Cruz e protocolado com a identificação CAAE: 29017320.0.0000.5248, número do parecer: 3.970.858.

### COMO CITAR - ABNT

MENDES, Anna Carolina de Oliveira, RAMOS, Amanda Perse da Silva, BARBOSA, Luiz Miguel Viana, OLIVEIRA, Maria de Fátima Alves de. OLATCG: ferramenta de bioinformática para o ensino de genética no ensino médio. **REAMEC – Rede Amazônica de Educação em Ciências e Matemática**. Cuiabá, v. 10, n., 3, e22061, set./dez. 2022. <http://dx.doi.org/10.26571/reamec.v10i3.13954>.

### COMO CITAR - APA

Mendes, A. C. O.; Ramos, A. P. da S.; Barbosa, L. M. V., Oliveira, M. de F. A. de. OLATCG: ferramenta de bioinformática para o ensino de genética no ensino médio. *REAMEC - Rede Amazônica de Educação em Ciências e Matemática*, 10 (2), e22061. <http://dx.doi.org/10.26571/reamec.v10i3.13954>.

### LICENÇA DE USO

Licenciado sob a Licença Creative Commons [Attribution-NonCommercial 4.0 International \(CC BY-NC 4.0\)](https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/). Esta licença permite compartilhar, copiar, redistribuir o manuscrito em qualquer meio ou formato. Além disso, permite adaptar, remixar, transformar e construir sobre o material, desde que seja atribuído o devido crédito de autoria e publicação inicial neste periódico.

### DIREITOS AUTORAIS

Os direitos autorais são mantidos pelos autores, os quais concedem à Revista REAMEC – Rede Amazônica de Educação em Ciências e Matemática - os direitos exclusivos de primeira publicação. Os autores não serão remunerados pela publicação de trabalhos neste periódico. Os autores têm autorização para assumir contratos adicionais separadamente, para distribuição não exclusiva da versão do trabalho publicada neste periódico (ex.: publicar em repositório institucional, em site pessoal, publicar uma tradução, ou como capítulo de livro), com reconhecimento de autoria e publicação inicial neste periódico. Os editores da Revista têm o direito de proceder a ajustes textuais e de adequação às normas da publicação.

### PUBLISHER

Universidade Federal de Mato Grosso. Programa de Pós-graduação em Educação em Ciências e Matemática (PPGECM) da Rede Amazônica de Educação em Ciências e Matemática (REAMEC). Publicação no [Portal de Periódicos UFMT](#). As ideias expressadas neste artigo são de responsabilidade de seus autores, não representando, necessariamente, a opinião dos editores ou da referida universidade.

### EDITOR

Patrícia Rosinke

### HISTÓRICO

Submetido: 06 de junho de 2022.

Aprovado: 18 de agosto de 2022.

Publicado: 03 de outubro de 2022.