

UNIVERSIDADE FEDERAL DE OURO PRETO
INSTITUTO DE CIÊNCIAS EXATAS E BIOLÓGICAS
DEPARTAMENTO DE BIODIVERSIDADE, EVOLUÇÃO E MEIO AMBIENTE

ISABELA DRUMOND FONSECA

**ELABORAÇÃO DE MATERIAL DIDÁTICO PARA ENSINO DE
PLEIOTROPIA NA EDUCAÇÃO SUPERIOR**

Ouro Preto

2023

ISABELA DRUMOND FONSECA

**ELABORAÇÃO DE MATERIAL DIDÁTICO PARA ENSINO DE
PLEIOTROPIA NA EDUCAÇÃO SUPERIOR**

Monografia apresentada ao Instituto de Ciências Exatas e Biológicas – Departamento de Biodiversidade, Evolução e Meio Ambiente – da Universidade Federal de Ouro Preto, como requisito parcial para obtenção do título de Biologia Licenciatura.

Orientador: Prof.^a Dr.^a. Izinara Rosse
Coorientador: Prof. Dr. Fábio Augusto Rodrigues e Silva
Área de Concentração: Ensino de Genética

Ouro Preto

2023

SISBIN - SISTEMA DE BIBLIOTECAS E INFORMAÇÃO

F676e Fonseca, Isabela.
Elaboração de material didático para ensino de Pleiotropia na
educação superior. [manuscrito] / Isabela Fonseca. Isabela Fonseca. -
2023.
109 f.: il.: color., tab.. + Caderno temático.

Orientadora: Profa. Dra. Izinara Rosse.

Coorientador: Prof. Dr. Fábio Silva.

Monografia (Licenciatura). Universidade Federal de Ouro Preto.
Instituto de Ciências Exatas e Biológicas. Graduação em Ciências
Biológicas .

1. Pleiotropia Genética. 2. Ensino Superior. 3. Bioinformática. 4.
Caderno Temático. I. Fonseca, Isabela. II. Rosse, Izinara. III. Silva, Fábio.
IV. Universidade Federal de Ouro Preto. V. Título.

CDU 575

Bibliotecário(a) Responsável: Luciana De Oliveira - SIAPE: 1.937.800



FOLHA DE APROVAÇÃO

Isabela Drumond Fonseca

Elaboração de material didático para ensino de pleiotropia na educação superior

Monografia apresentada ao Curso de Ciências Biológicas da Universidade Federal de Ouro Preto como requisito parcial para obtenção do título de Licenciatura em Ciências Biológicas

Aprovada em 29 de março de 2023

Membros da banca

Profa. Dra. Izinara Rosse da Cruz - Orientadora - Universidade Federal de Ouro Preto
Prof. Dr. Fábio Augusto Rodrigues e Silva - Coorientador - Universidade Federal de Ouro Preto
Profa. Dra. Fernanda de Jesus Costa - Universidade do Estado de Minas Gerais
Profa. Dra. Patrícia de Abreu Moreira - Universidade Federal de Ouro Preto

Profa. Dra. Izinara Rosse da Cruz, orientadora do trabalho, aprovou a versão final e autorizou seu depósito na Biblioteca Digital de Trabalhos de Conclusão de Curso da UFOP em 29/05/2023



Documento assinado eletronicamente por **Izinara Rosse da Cruz, PROFESSOR DE MAGISTERIO SUPERIOR**, em 29/05/2023, às 16:39, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site http://sei.ufop.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **0533023** e o código CRC **BE786321**.

AGRADECIMENTOS

O meu primeiro agradecimento é para Deus, com Ele eu tive forças para terminar essa caminhada. E, também, à Nossa Senhora Aparecida, por me proporcionar consolação nos momentos difíceis.

Sou eternamente grata aos meus pais, Vianney e Gilberto, por terem me dado as melhores oportunidades de estudo com muito aconchego e amparo. Agradeço, também, o meu irmão Tiago por ser compreensivo com os meus afazeres e por ser a minha motivação em me tornar uma boa profissional. Sou grata à todos da minha família que me acompanharam e torceram por mim nessa trajetória, sem esse suporte de todos eu não teria conseguido chegar até aqui.

Meus agradecimentos aos meus amigos da Universidade Federal de Ouro Preto (UFOP): Caetano, Carlieze, Douglas, João, Júlia, Iasmin, Roberta, Rennan e Wesley, além de todos os frequentadores do Diretório Acadêmico da Biologia. Com vocês eu compartilhei muitas risadas, desabafos e lágrimas e por isso gostaria de agradecer por todos os momentos, bons e ruins.

Agradeço às minhas amigas Cibele, Gabrielle e Rannáh, amigadas que fiz ao longo da vida e que me acompanharam de perto durante esse meu período como universitária. Obrigada por me apoiarem e serem pacientes com minha ausência em certos momentos. Meus agradecimentos, também, a Johan e Yuusuke que, mesmo morando longe, me apoiaram e incentivaram a aprimorar meu inglês e japonês.

Meu carinho e gratidão a toda equipe do Laboratório de Biologia Molecular e Celular (LBCM), por todo ensinamento que me proporcionaram. Especialmente, obrigada à Antônia e Luiz pela companhia e ajuda na pesquisa da iniciação científica, com vocês eu amadureci, profissionalmente e pessoalmente.

Meus agradecimentos especiais para minha orientadora Izinara Rosse, a minha “mãe acadêmica”. De fato, você me acompanhou desde o início da minha graduação com muita paciência e dedicação. Obrigada por todos os ensinamentos e por ser minha inspiração como profissional. Sou grata, também, à Fernanda Dos Santos, por toda paciência e aprendizados nos inúmeros e-mails e videoconferência ao longo do projeto.

Um enorme obrigado a todos os professores da UFOP, especialmente ao Fábio Silva e Cristina Maia, por sempre estarem presentes. Todo licenciando deveria ter aulas com vocês.

Agradeço também à minha professora de biologia do ensino médio, Míriam Testasica, por me influenciar nas aulas de genética do terceiro ano em cursar Ciências Biológicas. Obrigada por me acolher em dois estágios e por me inspirar como professora.

Por fim, agradeço a todos que me acompanharam nessa trajetória e que contribuíram de alguma forma em minha formação. Com certeza eu me lembrei de você, mas os agradecimentos precisam ser breves. Gratidão!

“Intentions only get you so far”

-Paramore

RESUMO

Com a conclusão do Projeto Genoma Humano, foi possível observar que várias de nossas características são influenciadas por mais de um gene, fenômeno que chamamos de pleiotropia. Um clássico exemplo de gene com efeito pleiotrópico é o responsável pela expressão da fenilcetonúria, doença a qual impede o indivíduo de converter o aminoácido fenilalanina em tirosina no fígado, influenciando também na expressão de déficit intelectual, olhos azuis e pele clara. Contudo, mesmo tendo essa importância, o assunto não recebe a devida atenção no ensino superior. A pleiotropia é um conteúdo abordado na disciplina de Genética no ensino superior, que é considerada extremamente abstrata, conteudista e de difícil compreensão para os estudantes. Além disso, o ensino de Genética no Brasil, em sua maioria, ainda segue o modelo tradicional de educação, que é incompatível com a nova geração, conhecida como “Nativos Digitais”. Assim, o objetivo deste trabalho foi elaborar um material didático, chamado de caderno temático, para o ensino de pleiotropia no ensino superior, para auxiliar os professores e alunos no ensino/compreensão do tema. A construção deste material teve com base a sistematização dos conceitos de Genética seguindo a Taxonomia de Bloom, o qual é um importante instrumento teórico para a identificação de objetivos relacionados ao desenvolvimento cognitivo, além de adotar a abordagem de Ensino por investigação. Com esse intuito, foram utilizadas ferramentas de Bioinformática como recurso didático, o qual garante que os estudantes resolvam problemas de carácter biológico por meio de uma metodologia atual. O material foi organizado em seis módulos interconectados e conferiu ter potencial em contribuir com o ensino de pleiotropia, desenvolvendo a autonomia na prática investigativa por meio de atividades e textos que buscaram promover a elaboração de pesquisas, reflexão e debate sobre o tema.

Palavras-chave: Pleiotropia; Ensino de Genética; Bioinformática; Ensino por investigação; Taxonomia de Bloom; Transposição didática; Caderno Temático.

SUMÁRIO

1.	INTRODUÇÃO	10
2.	REFERENCIAL TEÓRICO	14
2.1.	Ensino de Genética e a importância para formação do biólogo.....	14
2.2.	Taxonomia de Bloom.....	15
2.3.	Transposição didática	17
2.4.	Ensino por Investigação	18
2.5.	Bioinformática como recurso didático.....	20
3.	OBJETIVOS	23
3.1.	Objetivo geral.....	23
3.2.	Objetivos específicos.....	23
4.	METODOLOGIA.....	24
5.	RESULTADOS E DISCUSSÃO	26
6.	IMPLICAÇÕES E CONSIDERAÇÕES FINAIS	38
7.	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	40
8.	APÊNDICE	47
8.1.	Cadeno temático	47

1. INTRODUÇÃO

A pleiotropia, termo originado do grego que significa “dar muitas voltas” (SNUSTAD; SIMMONS, 2017), é um fenômeno genético que ocorre quando um gene ou variante genética influencia dois ou mais fenótipos (SOLOVIEFF, 2013). Trata-se de um fenômeno que vai contra à herança monogênica, uma vez que não sempre que a proporção entre genótipo e fenótipo de 1:1 (SCHAEFER; THOMPSON 2015). A condição pleiotrópica é a principal causa genética de correlações fenotípicas (*cross-phenotype-CP*), a qual pode ser positiva quando determinada variante genética influencia o aumento ou a diminuição do risco para os dois ou mais fenótipos, ou negativa, tendo uma variante genética que aumenta o risco de desenvolvimento de uma característica, ao mesmo tempo que diminui um risco de outra, e vice-versa (PETERSON, 2020).

O efeito pleiotrópico está presente em muitos genes, principalmente aqueles envolvidos com características complexas e/ou multifatoriais, como doenças neuropsíquicas e cânceres. Um exemplo é o câncer de próstata e o câncer colorretal, os quais são influenciados pelo mesmo *locus* rs6983267 (8q24) e possuem correlação positiva, ou seja, os indivíduos com alelo G nesta região genômica contribui para o aumento de risco para ambos os fenótipos (SOLOVIEFF, 2013). Outro gene pleiotrópico é o responsável pela expressão da fenilcetonúria, doença a qual impede o indivíduo de converter o aminoácido fenilalanina em tirosina no fígado, influenciando também na expressão de déficit intelectual, olhos azuis e pele clara (PIERCE, 2016). Dessa maneira, considerando o âmbito da saúde, por exemplo, avaliar o efeito pleiotrópico é de extrema importância para uma maior compreensão biológica de características complexas (SOLOVIEFF, 2013) de modo a ser possível desenvolver diagnósticos mais precisos, tratamentos mais eficazes e prevenção para essas doenças.

Entretanto, ressalta-se que, mesmo considerando a importância do conhecimento da pleiotropia, o assunto não é abordado no ensino superior da forma relevante como deveria ser. A pleiotropia é um conteúdo dado na disciplina de Genética, uma área dinâmica que está sempre em atualização, e que traz um grande impacto social, principalmente, na área da saúde e Biotecnologia (MORAES, 2019). Devido a essa constante evolução, os conteúdos de Genética abordados em sala de aula carecem de atualizações por meio de metodologias alternativas, uma vez que os livros didáticos utilizados não conseguem acompanhar as rápidas mudanças (GOLDBACH; BERDOR, 2016). Além disso, a Genética, por ser uma área do conhecimento

que estuda estruturas e fenômenos moleculares, é abstrata e de difícil compreensão, exigindo uma maior concentração e imaginação dos estudantes (DURÉ; ANDRADE; ABÍLIO, 2018).

Para mais, no nível superior, é importante ressaltar que muitos estudantes não possuem referenciais adequados para desenvolver os conhecimentos científicos nas disciplinas de Genética devido a obstáculos ou problemas na aprendizagem no ensino básico (BELMIRO, 2017), o que dificulta o aprendizado mais aprofundado dos conteúdos. Além disso, Leal, Rôças e Barbosa (2015, p. 2) ressaltam que a Genética não é só abstrata, mas extremamente conteudista, tendo o aluno a necessidade de dispor-se de uma nomenclatura exclusiva, como uma “alfabetização em Genética”, de modo a ter o amplo entendimento dos processos. Para mais, os livros didáticos, os quais deveriam ser agentes facilitadores para a prática pedagógica, são considerados como obstáculos, posto que oferecem uma sequência rígida, linear e descontextualizada, sem levar em consideração a pluralidade dentro de uma sala de aula. Outrossim, o excesso de informação sem a interação analítica dos estudantes e linguagem difícil causa distanciamento dos alunos e insatisfação diante a matéria (FONSECA; BORGES, 1999).

É importante mencionar, também, que o ensino brasileiro ainda conta, em sua maioria, com aulas expositivas sem a participação efetiva dos estudantes. Em geral, o ensino em biologia, possui uma propensão em valorizar o modo tradicional e uma exposição descritiva, assumindo os alunos como sujeitos passivos no processo de aprendizagem, além do conteúdo ser dado sem contextualização e de forma fragmentada (KRASILCHIK, 2008). Ressalta-se, ainda, que pouco se tem na literatura sobre metodologia de ensino de Genética para o nível superior e, com isso, para que tenha uma abordagem diferenciada e didática, o conhecimento científico deve passar por uma transposição didática. Isto é, o conhecimento produzido nas pesquisas científicas deve ser adaptado para que seja ensinado na sala de aula (MATOS FILHO, 2008). Dessa forma, faltam abordagens de caráter investigativo e lúdico de modo que os alunos entendam essas estruturas e processos moleculares.

Sendo assim, é relevante mencionar que a Bioinformática é apontada como recurso didático contemporâneo para o ensino de Genética, uma vez que promove interdisciplinaridade, além de inserir a tecnologia no meio educacional (MARQUES et al., 2014). Posto que é uma ciência que integra a computação e a Biologia Molecular (HAGEN, 2000), a Bioinformática é definida como o uso de técnicas computacionais para solucionar problemas da Biologia (PACHECO, 2019). Ainda, é importante considerar que a maioria da atual geração de

estudantes universitários são considerados “Nativos Digitais¹”, termo utilizado para os indivíduos que nasceram a partir de 1990 e que possuem uma vida circundada pela tecnologia e suas evoluções. Portanto, processam as informações de maneira diferente das gerações passadas (COSTA; DUQUEVIZ; PEDROZA, 2015). Nesse sentido, a Bioinformática pode auxiliar os estudantes a resolver problemas de caráter biológico por meio de uma ferramenta moderna, desenvolvendo a autonomia na prática investigativa, além de ser utilizada em metodologias atuais para investigação da pleiotropia.

Destarte, com o advento das tecnologias de sequenciamento de segunda geração e, com elas, o surgimento da era Ômica², tem sido possível identificar as bases genéticas envolvidas nessas características multifatoriais. Os estudos de associação em escala genômica (*Genome Wide Association Studies* - GWAS) é uma das estratégias utilizadas para identificar genes e ou regiões ao longo do genoma de um organismo que podem estar envolvidos com o fenótipo de interesse (KORTE, 2013). O resultado do GWAS é uma tabela denominada *Summary statistics*, a qual consiste em dados resumidos organizados em uma tabela contendo todos os polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) associados a um determinado fenótipo e suas respectivas informações. Ou seja, para cada *chip* de genotipagem utilizado no GWAS, são mapeados milhares de SNPs, os quais são listados no *Summary statistics*, na qual também haverá suas posições no genoma, *P-value*³, frequência em que essa variante aparece em certa população, dentre outras informações. Com isso, o aumento de estudos de associação em escala genômica permitiu identificar diversos novos *loci* para várias características, sendo vários deles envolvidos com um mesmo fenótipo. Além disso, é importante mencionar que, muito dos genes apresentam efeitos pleiotrópicos, principalmente aqueles relacionados com doenças autoimunes, cânceres e distúrbios neuropsiquiátricos, propondo que a pleiotropia está presente em várias características complexas dos seres humanos (SOLOVIEFF, 2013).

¹ Mesmo que este trabalho teve como foco os nativos digitais, é importante trazer o contexto das pessoas consideradas “Imigrantes digitais”, mas que são simpatizantes com a tecnologia e seus impactos na educação. Os imigrantes digitais são as pessoas que nasceram antes da potencialização das Tecnologias de Informação e Comunicação (TICs) e da Internet. Entretanto, deve-se levar em consideração que a diferença entre Nativos e Imigrantes Digitais não está relacionada somente à época de nascimento mas, também, ao contato e ao uso que ambos fazem da tecnologia (DE SOUZA, 2013).

² Era Ômica: Desenvolvimento da Ciências Ômicas (genômica, transcriptômica, proteômica, interatômica, metabolômica, farmacogenômica, dentre outras.), as quais analisam os sistemas biológicos por completo. A Ciências Ômicas tem como objetivo apontar genes, metabólitos e proteínas, além de estudar interações entre eles, compreendendo diversas áreas como genética, bioquímica e computação.

³ O valor estatístico que indica a probabilidade de associação do SNP ao fenótipo.

Portanto, considerando o volume de dados dos *Summary statistics*, a utilização de ferramentas de Bioinformática é crucial para a avaliação da pleiotropia. Atualmente, qualquer projeto de pesquisa biológica, em certa medida, necessita da ajuda de computadores. Isto porque, depois do advento das plataformas de sequenciamento de nova geração, a chegada da era “*Big Data*” demandou novas formas de gerenciamento, armazenamento e análise de dados em estudos de genética de populações, sistemática, ecologia, microbiologia e muitos outros campos de pesquisa (GAUTHIER, 2018).

Contudo, no Brasil, o uso da Bioinformática como um meio de ensino é escasso em comparação a outros países, havendo poucas universidades que utilizam essa área do conhecimento na graduação e na pós-graduação (RIBEIRO JUNIOR et al., 2012). Considerando este contexto, a proposta deste trabalho foi elaborar um caderno temático (CT)⁴, que consiste em ser uma unidade de ensino, a qual pode ser desenvolvida por meio de diversos aspectos curriculares (FONSECA; BORGES, 1999). Para mais, o CT confere uma maior adaptabilidade, autonomia e flexibilidade em comparação aos livros didáticos, de modo que seja possível a contextualização histórica, tecnológica e social dentro da sala de aula (FONSECA; BORGES, 1999). Com isso, para este Trabalho de Conclusão de Curso, a elaboração desse material se configura como uma ferramenta de transposição didática para o ensino de pleiotropia, utilizando a Bioinformática como recurso didático, de modo a ajudar a desenvolver as habilidades de raciocínio e investigativas dos alunos no ensino superior.

⁴ Termo usado para evitar confusão com “Unidade Temática” que faz parte da estruturação da Base Curricular Nacional (BNCC)

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1. Ensino de Genética e a importância para formação do biólogo

Os conhecimentos e os processos relacionados à Genética estão presentes nos mais diversos momentos de nosso cotidiano, perpassando pela saúde pública, a manipulação de organismos na indústria alimentícia, dentre outros (ZATZ, 2012). Para mais, a Genética é uma ciência a qual está conectada com estudos de embriologia, citologia e reprodução (GERICKE et al., 2007), enfatizando a importância e a interdisciplinaridade intrínseca a esta área (TEMP, BARTHOLOMEI-SANTOS, 2018). Essa necessidade trazida pela área da Genética, exige que os processos de ensino e aprendizagem em Biologia procurem aproximações com as aplicações biotecnológicas e as suas múltiplas áreas correlacionadas (GIACOIA et al., 2014).

Entre o período de divulgação dos estudos de Gregor Mendel no começo do século XX até a era pós-genômica, houve um grande espaço de tempo para novas descobertas da Genética Molecular como, por exemplo, a identificação do DNA como base da informação genética, o esclarecimento de sua estrutura e o mecanismo do fluxo da informação genética. No Brasil, Oswaldo Frota-Pessoa foi o pioneiro em pesquisas em Genética Humana, o qual publicou em 1960 o livro didático “Biologia na Escola Secundária” quando difundiu o conteúdo de Genética no ensino básico, valorizando a experimentação e discussão (MORAES, 2019). Atualmente, a Genética mendeliana e molecular são as que recebem maior valorização curricular, contudo, as técnicas de engenharia Genética, as quais estão presentes em diversos âmbitos do cotidiano, não são tão bem exploradas (MORAES, 2019).

Confere-se cada vez mais importância ao ensino de Genética na formação de um biólogo, uma vez que é uma área que perpassa por todos os fenômenos relacionados aos seres vivos (GRIFFITHS et al, 2002). Segundo Brenner (1993), a relevância da Genética é tão grande que, ao decorrer dos anos, todo biólogo se tornaria eventualmente um geneticista, posto que tudo está baseado no conhecimento dos genes. Assim, independentemente da área que um biólogo for atuar, a Genética estará presente e, dessa forma, a aprendizagem desse conteúdo deve ir além da memorização de conceitos, de modo que o profissional consiga aplicar e relacionar o conhecimento em Genética nas situações reais em demandas da profissão (TEMP, BARTHOLOMEI-SANTOS 2018).

O ensino de Genética demanda a habilidade de transformar, ou ainda didatizar, os vários conceitos abstratos em esquemas, imagens ilustrativas e aplicações em situações no cotidiano, necessitando diferentes metodologias para que seja compreendida (TEMP; BARTHOLOMEI-

SANTOS, 2018). Além disso, é importante mencionar que, para ensinar Genética, é necessário apresentar níveis estruturados de conceitos e processos em ordem crescente de complexidade, com a possibilidade de que os estudantes desenvolvam conhecimentos das habilidades de um nível anterior para compreender as habilidades do nível seguinte. Entretanto, de acordo com relatos de professores, muitos estudantes desenvolvem apenas conhecimentos superficiais que não contribuem na construção do pensamento biológico mais aprofundado e essencial para uma compreensão dos processos genéticos (TEMP; BARTHOLOMEI-SANTOS, 2018). Sendo assim, um dos instrumentos teóricos que pode nos ajudar a compreender o processo de desenvolvimento dos conhecimentos importantes para a aprendizagem em Genética é a taxonomia de Bloom (BLOOM et al, 1956).

2.2. Taxonomia de Bloom

O nome taxonomia, originado do grego, significa “organização” e que, na Biologia, consiste na ciência que classifica e organiza os seres vivos. Na taxonomia biológica, os organismos são organizados em uma hierarquia de inclusão, seguindo o método de organização proposto por Carl von Linné, tendo os grupos menores incluídos em grupos maiores (OLIVEIRA, 2011). Associado a isso, assim como Lineu teve grande contribuição para a taxonomia biológica, Benjamin Samuel Bloom ajudou muito na organização educacional com a proposta de uma taxonomia para os objetivos educacionais (CABRAL, 2019).

A taxonomia de Bloom postulada em 1956 teve como finalidade ajudar na identificação de objetivos relacionados ao desenvolvimento cognitivo (CABRAL, 2019). Para Bloom, quando se define metas a serem alcançadas de forma clara e estruturada no processo de aprendizagem, o método será mais efetivo e duradouro (BLOOM et al, 1972), ou seja, apontava que a compreensão possui uma natureza progressiva, responsável pela condução de um pensamento na ordem superior (GALHARDI; AZEVEDO, 2013).

Com isso, Bloom classifica e ordena a aprendizagem de forma hierárquica cumulativa, considerando três categorias do saber com seus seguintes níveis, que devem ser sucessivas, necessitando o domínio de cada nível para que o próximo seja alcançado (GALHARDI; AZEVEDO, 2013; OLIVEIRA, 2011):

1) O Campo cognitivo, que engloba os níveis:

Nível I: Memorizar, conhecimento de elementos que devem ser memorizados, os quais se expressam por recordação de um determinado campo do saber;

Nível II: Compreender, que é a habilidade de compreender o significado sobre um assunto; A aplicação para utilizar as compreensões de modo a resolver problemas reais;

Nível III: Analisar, que tem como habilidade decompor uma ou mais partes constituintes de um tema;

Nível IV: Aplicar, para integrar partes e elementos de modo a criar uma estrutura específica;

Nível V: Avaliar, sendo a habilidade de formar julgamentos sobre algum propósito ou valores, por exemplo.

2) O campo psicomotriz consiste na classificação das habilidades, no qual os feitos são realizados com precisão, facilidade e economia de tempo e esforço, os quais variam com a frequência, energia e duração.

3) O Campo afetivo, que está relacionado à área emocional e afetiva, inclui os valores, a emoção, a atitude, dentre outros. Os níveis dos objetivos no domínio efetivo são, hierarquicamente: conhecimento, resposta, valorização, organização e caracterização por meio de um complexo de valores.

Por mais que tenha sido elaborada na década de 50, a taxonomia de Bloom tem sido revisada e aplicada constantemente, posto que é reconhecida não somente como uma ferramenta de avaliação do processo de ensino aprendizagem, mas também, como uma forma de auxiliar os professores a distinguir as necessidades específicas de cada aluno nos diferentes níveis da hierarquia. Além disso, esta teoria do aprendizado pode ajudar os estudantes a traçar um caminho para o entendimento do conteúdo (GALHARDI; AZEVEDO, 2013). Além disso, deve-se levar em consideração que, além da organização, o conteúdo de genética precisa passar por uma adaptação para que seja apresentado em sala de aula de forma contextualizada com uma linguagem acessível e interessante para os alunos, posto que para a Griffiths (2008, apud TEMP; BARTHOLOMEI-SANTOS, 2018), uma das dificuldades para aprender os conteúdos de genética é devido, também, pela falta de contextualização. Dito isto, a ação de adequar o conteúdo para a sala de aula é chamada de Transposição didática.

Dessa forma, utilizamos este instrumento teórico para a construção do material didático proposto, de forma a auxiliar na construção do conhecimento em Genética, a qual requer a apresentação de conteúdos em níveis estruturados de modo hierárquico.

2.3. Transposição didática

A construção de uma autonomia humana está diretamente relacionada à apropriação de um conjunto de conhecimentos que foram desenvolvidos pela humanidade ao longo da história (DOMINGUINI, 2008). O ser humano é pautado no trabalho, o qual é uma atividade social que demanda conhecimentos sobre vários pontos que interliga o ser natural e social. Assim, segundo Tonet (2005, apud DOMINGUINI, 2008), mesmo quando o trabalho é realizado de forma individual por algum momento, sua efetivação envolve a apropriação de conhecimentos, habilidade, valores, objetivos, dentre outros, comuns a um determinado grupo.

Dessa forma, a educação é de extrema importância para um ser social, possibilitando ao ser humano construir suas vivências e garantir sua sobrevivência (DOMINGUINI, 2008). Segundo Freire (2015), a prática educativa é fundamental para a formação humana porque é um ato exclusivamente do ser humano. Assim, considera-se o processo educativo como a passagem dos conhecimentos, hábitos e valores das antigas gerações para as mais recentes, os quais são definidos diante a um contexto histórico. Na sociedade atual, determina que o conhecimento essencial, que deve ser apropriado pelas novas gerações, é proveniente da atividade científica, que consiste na explicação sistematizada de fenômenos naturais e sociais, de forma racional por meio de uma metodologia investigativa (ARANHA; MARTINS, 1993). Desse modo, uma pessoa alfabetizada cientificamente poderia ser capaz de aplicar o conhecimento científico para fins individuais e sociais (SASSERON et al, 2011).

Contudo, para que os estudantes tenham uma apropriação adequada do conhecimento científico, faz-se necessário uma adequação para o processo de ensino aprendizagem, uma vez que a linguagem utilizada no âmbito científico não pode ser igual em sala de aula. Desse modo, chamamos de transposição didática o processo de transformação do conhecimento científico para o conhecimento escolar, que se diferenciam na forma como são apresentados (CHEVALLARD, 1991). Para Chevallard, o conhecimento perpassa na comunidade científica com diferentes exigências demandadas na sala de aula, ou seja, o conhecimento escolar não reflete fielmente o conhecimento científico. *A priori*, é feita uma seleção dos diversos campos dentro da área científica, diante do valor informativo, formativo e funcional de cada um deles, e são agrupados em conjuntos de conhecimentos que serão abordados igualmente a todos os alunos (DOMINGUINI, 2008). Depois dessa seleção, passa pelo processo de adaptação, utilizando uma linguagem próxima ao aluno de modo a facilitar o processo de ensino e aprendizagem.

Pode-se dividir a transposição didática em três saberes (ALMEIDA, 2007): 1) Saber sábio, que é produzido na comunidade científica; 2) Saber a ensinar, relacionado com a didática e prática de condução do conteúdo pelos professores e 3) Saber ensinado, que foi assimilado pelo aluno diante a transposição didática. Destaca-se que, para Libâneo, os conteúdos abordados na escola vão além do conhecimento científico, uma vez que é englobado as atividades cotidianas, convicções e atitudes plurais na sala de aula (LIBÂNEO, 1990). Além disso, a transposição didática é mais explícita nos livros didáticos, posto que são materiais compostos pelo “Saber a ensinar”. Portanto, mesmo que o conhecimento escolar não seja ensinado da forma original do conhecimento científico, não pode considerar que seja uma simplificação, já que o conteúdo escolar é um “objeto didático” proveniente das adequações da transposição didática (PINHO ALVES, 2000).

Posto isso, para Farias e Prochnow (2010), é de suma importância para a formação de docentes a elaboração de materiais didáticos já que, assim, seja possível ter uma maior flexibilidade para adaptar os conteúdos de acordo com o contexto em que determinada sala de aula está inserida. Para além, Fonseca e Borges (1999) defende que a produção um material didático reforça a formação de profissionais mais autônomos, de forma que possam ter o pensamento crítico incorporado em sua atuação, distanciando-se da educação tradicional. Com isso, o CT proposto foi elaborado seguindo as práticas relacionadas ao Ensino de Ciências por Investigação, baseado na elaboração e teste de hipóteses por meio da pesquisa e experimentação.

2.4. Ensino por Investigação

O processo de ensino acompanha o contexto social no qual está inserido, se adequando com as transformações políticas, econômicas, culturais e tecnológicas, ressaltando que o ensino não está restringido somente aos conceitos das disciplinas (DIESEL et al, 2017). Pensando na sociedade atual, que está marcada pelos avanços tecnológicos e pela globalização, os estudantes não ficam restritos a um mesmo ambiente de aprendizagem tradicional, pois vivem conectados e possuem acesso a um grande volume de informações a qualquer momento. Para Marc Prensky (2010), os jovens de hoje pensam e processam informações de forma diferente pois estão acostumados a interagir com diversas mídias e constantemente conectados, sendo descritos como “Nativos Digitais”.

Esta geração não consegue simplesmente ficar parada, sentados em seus lugares, enquanto o professor discorre em aulas expositivas. Para eles, por exemplo, não faz sentido ler um manual de um aplicativo ou de um jogo para saber usá-lo. Os nativos digitais preferem, num processo de tentativas e erro, ir se apropriando da lógica do programa ou do jogo, para utilizá-lo. Esse processo pode revelar uma forma de aprendizagem, que não é baseada em informações/instruções (que seria dada pelo manual), mas numa busca que parte daquele que precisa aprender, fuçar, explorar (a forma como o programa funciona)” (PESCADOR, 2010)

As novas exigências sociais demandam dos docentes um novo posicionamento perante a relação entre o aluno e conhecimento, uma vez que é o sujeito responsável pela condução do processo de ensino aprendizagem. Dessa forma, fez-se necessário refletir sobre as experiências pedagógicas tradicionais, as quais priorizam a transmissão de informações, tendo o estudante como o ser passivo. Ou seja, neste modelo o processo de ensino está centrado no docente como o único detentor de todo o conhecimento (BASSALOBRE, 2013).

Diante a esse fato, cabe a reflexão sobre a necessidade do novo perfil do professor para buscar novas metodologias que foquem no protagonismo e autonomia dos estudantes. Para Berbel (2011), no processo de ensino aprendizagem, os docentes devem considerar as opiniões dos alunos além de motivá-los, de modo a formar um ambiente favorável para o aprendizado. Assim, apresenta-se metodologias identificadas como ativas marcadas por um processo de organização da aprendizagem que tem como objetivo estimular a autonomia dos alunos, instigando-os a pesquisar, refletir e analisar os conteúdos ministrados diante a uma determinada situação (BASTOS, 2006). Nas metodologias ativas, os estudantes são postos como sujeitos ativos na aprendizagem, e suas experiências e concepções são valorizadas para a construção do conhecimento (DIESEL et al, 2017).

Para Freire, a falta do engajamento com os discentes para pensarem de forma autônoma reflete em um dos maiores problemas da educação (FREIRE, 2015). No processo de ensino e aprendizagem utilizando metodologias ativas, se exige do aluno ações como a pesquisa, leitura, imaginação, comparação, construção de hipóteses, dentre outros (DA SILVA SOUZA et al, 2014). Este modelo, contrário do ensino tradicional, exercita práticas as quais são construtivas, a qual fará do aluno um profissional mais bem preparado (DIESEL et al, 2017). Com isso, reforça-se que a estimulação dos alunos diante a novas aprendizagens é essencial para sua autonomia e liberdade na tomada de decisão em sua vivência pessoal e profissional (BERBEL, 2011).

Em muitas metodologias ativas, a problematização associa a realidade e a reflexão que, na sala de aula, refere-se à análise crítica da realidade e a tomada de consciência dela. Com isso, cabe ao professor articular os conteúdos com o contexto social, tornando o que é ensinado em algo que faça sentido para os estudantes, possibilitando-os aplicarem em possibilidades reais do cotidiano (DIESEL, 2017). Freire defendia a pedagogia problematizadora, na qual os professores e os alunos aprendem juntos em uma relação dinâmica, tendo a prática sendo orientada pela teoria, indo contra ao modelo tradicional cujo conhecimento tem direção unidirecional (BERBEL, 2011).

Dessa forma, propomos neste trabalho o ensino pautado na investigação, uma abordagem didática importante para desenvolver a liberdade intelectual dos alunos durante a investigação de um determinado problema (CARVALHO, 2013). Segundo Sasseron (2018), os principais elementos que norteiam o ensino por investigação são: participação ativa dos estudantes; Aprendizagem que vai além dos conceitos de um determinado tema; Relação do que é aprendido com o cotidiano; Aprendizagem com objetivo de poder causar uma mudança social.

O ensino por investigação baseia-se no desenvolvimento do conhecimento de processos em conjunto com o conhecimento conceitual. Portanto, é fundamentado na problematização, elaboração de hipóteses, por meio de pesquisa ou experimentação. Além disso, deve-se levar em consideração o conhecimento epistemológico para o entendimento dos fenômenos investigados, de modo que a prática não seja executada sem reflexão (SASSERON, 2018). Assim, quando esses conhecimentos são trabalhados conjuntamente, contribuem significativamente para o desenvolvimento do raciocínio científico (OSBORNE, 2016).

Posto isso, o CT sugerido neste trabalho busca desenvolver uma proposta de ensino por investigação, de modo a complementar o ensino de pleiotropia. Com esse intuito, será proposto o uso de ferramentas de Bioinformática como recurso didático para o desenvolvimento desse processo.

2.5. Bioinformática como recurso didático

O termo “Bioinformática” foi criado, em 1970, pelos biólogos Paulien Hogeweg e Ben Hesper, e é definido como o uso de técnicas computacionais para solucionar problemas da Biologia (PACHECO, 2019). Portanto, é uma ciência que integra a Computação e a Biologia Molecular (HAGEN, 2000). Posto que os biólogos computacionais formulam modelos estatísticos de forma a simular o comportamento biológico, o bioinformata consegue adquirir,

organizar e analisar um grande volume de dados provenientes das pesquisas em Biologia (GEWIN, 2011).

Segundo Weffer e Sheppard, a Bioinformática permite que os dados sejam analisados de forma mais rápida em *softwares*. Para mais, as ferramentas da Bioinformática permitem o acesso rápido a bancos de dados *online* para identificação de mutações, alelos novos e variações em populações para estudo de doenças genéticas (WEFFER, SHEPPARD, 2008)

Para Hagen (2000), a ascensão da Bioinformática se deu, principalmente, a três fatores: 1) O aumento exponencial do sequenciamento de ácidos nucleicos; 2) A ideia de que macromoléculas eram responsáveis por transportar a informação genética; 3) Evolução dos computadores de alta velocidade utilizados na Segunda Guerra Mundial.

A evolução da Ciência da computação e das Biologia Molecular aconteceu de forma concomitante, o que anos depois deu origem ao “casamento perfeito” entre essas áreas. Começando nos anos 40, com o surgimento do primeiro computador com alfabeto binário, mesma época em que houve, também, a identificação de que o DNA é o responsável por carregar a informação hereditária. Posteriormente, Watson, Crick e Rosalind Franklin desvendaram a estrutura do DNA, esclarecendo-a como uma molécula de dupla hélice e que, assim como o computador, possuía o próprio alfabeto, porém quaternário (A,C,G e T), enquanto o do computador era binário (0 e 1). A partir disso, graças ao amadurecimento tanto da computação, com computadores mais rápidos e com maior capacidade de armazenamento de informações, quanto para a Biologia, com o aprimoramento dos sequenciamentos, que em 1995 o primeiro genoma de bactéria foi publicado (SETUBAL, 2003). Este marco seria considerado como o principal no surgimento da nova ciência chamada Bioinformática.

Atualmente, a Bioinformática vem se tornando cada vez mais promissora, sendo uma área agregadora em diversos campos da biologia (MOTA, 2018). A Bioinformática está presente em campos como conservação da Biodiversidade, Filogenética, Biologia Sintética e nos estudos de bases que oferecem grandes achados para a área da saúde e Biotecnologia (OUZOUNIS, 2012).

Desde os anos 2000 a Bioinformática tem sido considerada como um potencial recurso didático para o Ensino de Biologia (MARQUES et al, 2014). Considerando o contexto atual em temos estudantes que podem ser considerados Nativos Digitais, a Bioinformática garante que estes resolvam problemas de carácter biológico por meio de uma ferramenta do século 21 (FORM; LEWINTER, 2011). Segundo Mertz e Streu (2015) a Bioinformática pode ser usada

como uma ferramenta para o desenvolvimento de atividades referentes às metodologias ativas de ensino de modo a aprimorar as habilidades de raciocínio dos alunos.

Desta forma, concordando que as ferramentas da Bioinformática possuem uma grande vantagem como recurso didático para a geração atual, ela foi utilizada no CT para a investigação do efeito pleiotrópico em características complexas. Posto que, além de estar presente em várias áreas de pesquisa biológicas, garante ao discente a autonomia na prática investigativa e a introdução da informática no ensino.

3. OBJETIVOS

3.1. Objetivo geral

Elaborar um material didático, chamado de Caderno temático, para implementação pedagógica para o ensino de pleiotropia no nível superior, utilizando uma proposta de ensino por investigação

3.2. Objetivos específicos

- Introduzir os discentes à Bioinformática, de modo a apresentar uma metodologia para investigar a pleiotropia por meio de uma ferramenta moderna e essencial para a pesquisa atual;
- Analisar o potencial do caderno temático para o desenvolvimento de conhecimentos sobre os processos conceituais e epistemológicos em um processo de ensino da pleiotropia.

4. METODOLOGIA

O CT apresentado neste trabalho tem como tema principal o estudo da pleiotropia por meio de atividades investigativas mediadas pelo uso de ferramentas teórico-metodológicas da Bioinformática. Os seus tópicos foram elaborados seguindo a primeira categoria do saber, intitulada Campo Cognitivo da Taxonomia de Bloom a qual, inicialmente, são apresentados de forma geral e que, ao longo do material, são abordados de forma detalhada e complexa.

Neste contexto, o modelo do CT proposto teve como referência as unidades temáticas (UTs) produzidas no trabalho de Santos (2007). Dessa forma, este CT seguiu as características necessárias às UTs, como: 1) Textos introdutórios para os alunos e professores, com a finalidade de direcioná-los sobre o assunto e necessidades para realizar as atividades do caderno; 2) Textos didáticos destinados aos alunos com referências em livros de Genética e artigos científicos os quais avaliam efeitos pleiotrópicos; 3) Materiais alternativos (artigos, sites, vídeos, dentre outros) e 4) Conjunto de atividades e recursos didáticos. Para mais, também seguiu a padronização associada aos critérios estipulados no trabalho por Farias e Prochnow (2010), os quais consistem em: Apresentação clara do tema tratado na primeira página do CT; demonstrar pesquisa ou investigação; Plano de trabalho contendo um conjunto lógico, equilibrado e estruturado.

Com isso, para a elaboração dos textos didáticos, foram utilizados os livros de Genética usados como referências no ensino superior. Além disso, uma pesquisa na literatura científica foi realizada sobre os estudos de pleiotropia, utilizados nos bancos de dados *PubMed*, *Google Scholar* e *SciELO*. Cabe ressaltar que, foram selecionadas as informações primordiais para realizar a adequação do conteúdo de modo a torná-lo mais didático, seguindo o processo de transposição didática. Assim, os artigos encontrados serviram como referências para os textos elaborados ao longo do caderno e como material complementar em cada módulo.

Este projeto também teve como fundamentos o ensino por investigação, que busca explorar a autonomia dos estudantes na construção do conhecimento e práticas científicas. Logo, os textos didáticos foram articulados com exercícios que buscam instigar a reflexão dos processos moleculares e interpretação dos resultados gerados no processo de investigação por meio de ferramentas de Bioinformática. Dessa forma, as atividades investigativas tiveram como guia os manuais dos programas e das plataformas que foram utilizados. Para isso, foi elaborado e disponibilizado tutoriais de uso em cada seção necessária, juntamente com materiais adicionais, os quais foram organizados em um drive específico para a aplicação do CT.

O *design* e estruturação do CT foi feito utilizando a plataforma digital Canva⁵, de modo a tornar o material mais atrativo para o público-alvo. Além disso, algumas imagens foram *prints* tirados dos programas ou desenhadas com base nos artigos referenciados, com a finalidade de facilitar o acompanhamento dos tutoriais e compreensão do conteúdo.

Por fim, este caderno foi utilizado em estudo preliminar em uma turma de Introdução à Bioinformática ofertada pela Escola de Farmácia da Universidade Federal de Ouro Preto. O objetivo da aplicação foi analisar o potencial do caderno temático durante o processo de ensino da pleiotropia e avaliar a organização do conteúdo. Para isso, foi dada as atividades práticas dos módulos em conjunto com a parte teórica de modo a tornar o material mais didático possível, principalmente os tutoriais dos programas utilizados. Além disso, a aplicação foi realizada para estimar o tempo gasto para o desenvolvimento das atividades propostas neste material.

⁵ Plataforma para criação de *design*, disponível em: (<https://www.canva.com/>)

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Para elaboração deste CT (Figura 1) (APÊNDICE 1), foram consultados os livros didáticos usados como referências bibliográficas nas aulas de Genética do ensino superior, de modo a serem uma base teórica para os textos do caderno. Os livros utilizados foram: 1) Genética: um enfoque conceitual (PIERCE, 2016); Genética Médica: uma abordagem integrada (SCHAEFER; THOMPSON, 2015); Fundamentos da Genética (SNUSTAD. SIMMONS 2017) e Introdução à Genética (GRIFFITHS, 2016). Além disso, foi realizada uma pesquisa bibliográfica para um melhor embasamento do conteúdo, posto que os livros didáticos consultados não abordavam a pleiotropia de forma aprofundada, mas somente citava sua definição com alguns exemplos. Com isso, o principal artigo utilizado como referência na construção desse CT foi “*Pleiotropy in complex traits: challenges and strategies*” (SOLOVIEFF, 2013), o qual cita os tipos de pleiotropia, as estratégias para analisá-la e esquemas explicativos que foram utilizados como base para formulação das imagens do caderno temático.

Figura 1: Capa do Caderno Temático



Fonte: Caderno Temático

Ademais, deve-se considerar que, além de apresentarem o conteúdo da pleiotropia de forma superficial, os materiais didáticos convencionais, os quais têm ênfase na descrição e definição de conceitos, podem reforçar o modelo de ensino expositivo, não possibilitando as interações entre o sujeito e o objeto de conhecimento (SCARPA e CAMPO, 2018). Segundo Gaeta (2010), o processo de ensino-aprendizagem no ensino superior deve ir além da transmissão de informação do professor para os alunos, e tende a ter uma relação mais complexa, uma vez que a graduação busca a formação de um profissional competente e responsável por exercer um papel na sociedade. Além disso, podemos considerar que as principais mudanças que ocorreram nos últimos anos na educação foram a ressignificação do papel do professor, compreendido como mediador, e da posição central dos estudantes no processo de ensino-aprendizagem (SCARPA e CAMPO, 2018). Dessa forma, o uso de metodologias ativas pode ser uma ferramenta valiosa como estratégia de ensino-aprendizagem, podendo alcançar e motivar os estudantes, os quais podem examinar, refletir, relacionar e ressignificar suas descobertas (CALDERELLI, 2017).

Portanto, este CT buscou conduzir a compreensão da pleiotropia com base na investigação e análise desse efeito genético. Para isso, foi utilizado a abordagem didática de Ensino por Investigação, que possibilita a aprendizagem ativa com a formulação de questões e solução de problemas. A investigação condiciona a resolução dessas questões por meio da coleta, análise e interpretação dos dados, levando ao entendimento do conteúdo com base em evidências e reflexões durante o processo. Dessa forma, é uma metodologia que oferece aos estudantes meios para aprendizagem em que podem refletir e questionar sobre determinado assunto, de modo a construir habilidades e autonomia (SCARPA e CAMPOS, 2018). Porém, é relevante mencionar que o Ensino por Investigação não é o mesmo da investigação científica, posto que possuem objetivos diferentes. Para a educação, a investigação tem um caráter mais abrangente, de forma que utilizam a coleta e análise de dados para fazerem analogias com o conteúdo estudado. Isso reforça a necessidade da transposição didática, a qual atua como intermediadora entre conhecimento científico e o conhecimento escolar já que confere a adaptação e organização do conteúdo ensinado (DOMINGUINI, 2008).

Neste contexto, a Bioinformática surge como uma importante ferramenta de investigação, uma vez que é vista como essencial para a pesquisa moderna relacionada a diversas esferas da Ciências da vida, o que reforça a demanda de profissionais com conhecimento nesta área. Contudo, mesmo que a Bioinformática tenha sido incorporada em

alguns programas de graduação, ainda há poucos currículos em cursos de âmbito biológico que contemplem essa disciplina (ATWOOD et al., 2019). Sendo assim, o CT proposto neste trabalho busca suprir essa lacuna dos cursos superiores, posto que utiliza o LINUX e *softwares* que são utilizados em pesquisas científicas para investigação da pleiotropia. Além disso, considerando a maioria dos atuais estudantes universitários, o uso dessa abordagem contempla esta geração digital. São considerados nativos digitais os indivíduos que nasceram a partir de 1990, uma vez que são pessoas que possuem uma vida circundada pela tecnologia e suas evoluções e, conseqüentemente, o aprendizado dessas pessoas é mediado por ela (COSTA et al., 2015). Segundo Presnsky (2021, apud TEZANI, 2017), “[...] com o grande volume de interações com a tecnologia, os alunos de hoje pensam e processam as informações diferentemente das gerações anteriores”. Sendo assim, cabe às instituições de educação se adaptarem à nova realidade, onde os indivíduos tendem à interatividade e não mais ao fluxo unidirecional da informação, como é visto na educação tradicional.

Destarte, com o objetivo de promover diálogos, reflexões e investigação autônoma dos estudantes, foram elaboradas atividades ao longo dos módulos propostos. Este CT foi organizado em seis módulos interconectados, seguindo a organização hierárquica da Taxonomia de Bloom. Segundo Griffiths (2008, apud TEMP; BARTHOLOMEI-SANTOS 2018) a dificuldade para aprender os conteúdos de Genética é devido às principais razões: Inabilidade de realizar análises quantitativas básicas; Realização de estudos tradicionais os quais não são efetivos para o aprendizado em genética; Alfabetização genética, diante aos diversos termos e conceitos da área, necessários para compreensão do conteúdo; Correlação entre várias áreas da Biologia; Falta de contextualização e estruturação do conhecimento em ordem crescente de complexidade. Dessa forma, o ensino de genética demanda de conhecimentos da Taxonomia de Bloom, a fim de que os alunos necessitam dominar habilidades em um nível inferior para passar para o próximo. Assim, o CT buscou organizar o conhecimento de maneira hierarquizada na estrutura cognitiva dos estudantes, fazendo uma correlação com a Taxonomia de Bloom (Figura 2), partindo de uma explicação prévia de forma a orientar nas atividades com carácter reflexivo e investigativo.

Posto isto, o CT foi organizado do seguinte modo:

Módulo 1: Um gene com vários efeitos: O que é pleiotropia?

No módulo 1 é dado o texto introdutório sobre o tema do CT com a explicação da definição da pleiotropia e sua relação com correlação genética, além de exemplos de genes que possuem efeito pleiotrópico, seguindo a padronização estipulada nos trabalhos de Farias e

Prochnow (2010) e Dos Santos (2007). Além dos textos introdutórios, foram dados artigos de forma a exemplificar e complementar o conteúdo, como, por exemplo: “*Pleiotropic predisposition to Alzheimer’s disease and educational attainment: insights from the summary statistics analysis*” (KULMINSKI, 2022), o qual investigou a relação pleiotrópica entre Alzheimer e o nível educacional e “*Discovery and Mediation Analysis of Cross-Phenotype Associations Between Asthma and Body Mass Index in 12q13.2*” (SALINAS et al., 2021), que apontou correlação positiva entre asma e massa corporal.

Ademais, foi proposto duas atividades:

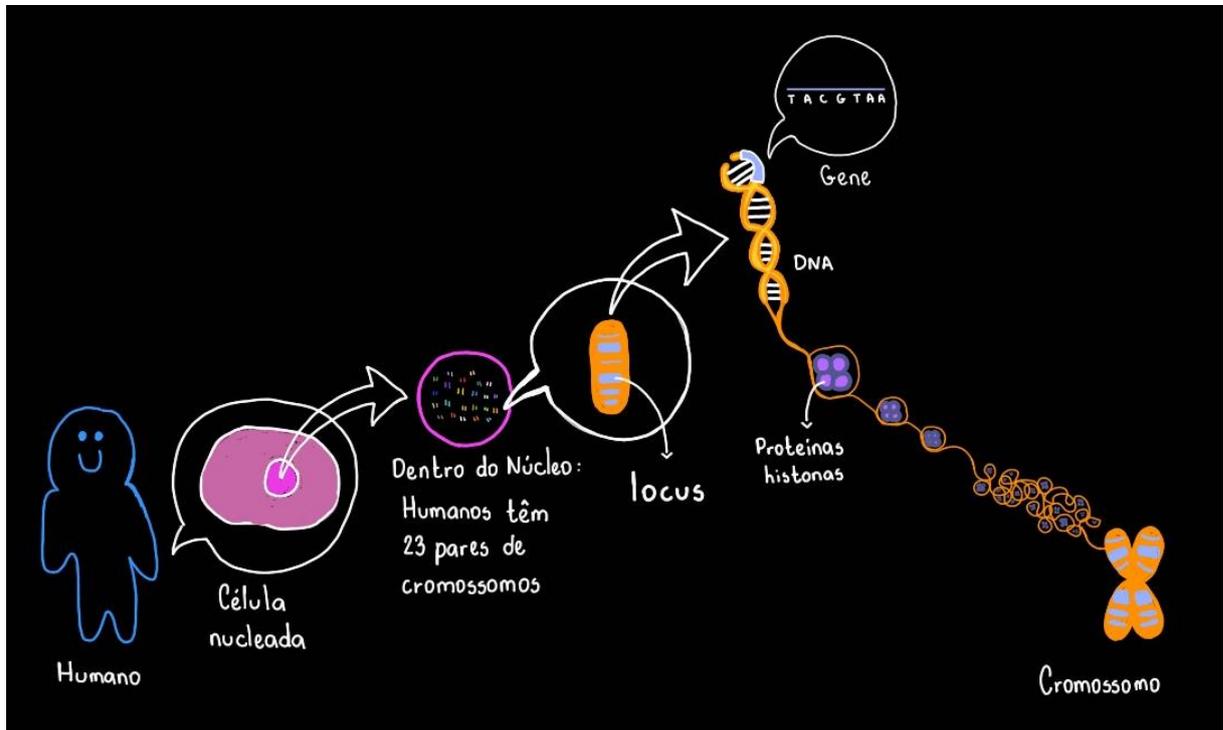
1. Com base no texto introdutório de pleiotropia e nos materiais de apoio, para você, qual a importância de se estudar esse efeito genético para a saúde e agropecuária?
2. Há diversos genes com efeito pleiotrópico. Pesquise 2 exemplos de genes que influenciam duas ou mais características.

Estas atividades, com carácter reflexivo e investigativo, as quais buscam instigar os estudantes a pensarem sobre a importância de se estudar a pleiotropia e pesquisarem quais outros genes que são possíveis identificar esse efeito genético. Isso porque, essas questões tiveram como objetivo embasar futuras discussões para estruturação do conhecimento, o que para Sasseron e Carvalho (2011) é uma etapa do processo investigativo. Segundo a Taxonomia de Bloom, este módulo pode contemplar o primeiro nível “Memorizar”, no qual os estudantes encontram atividades que os levam a ter contato com elementos que devem ser memorizados para uma melhor compreensão das etapas seguintes.

Módulo 2: O mapeamento do genoma e os marcadores genéticos

Esse módulo tem dois momentos, sendo o primeiro para abordar conceitos básicos da genética e de técnicas moleculares necessárias para a compreensão de propostas dos futuros módulos. Dessa forma, esta parte do módulo também contempla o nível “Memorizar” da Taxonomia de Bloom, uma vez que foram explicados os conceitos importantes para a compreensão do conteúdo a definição de genoma, DNA, genes e cromossomos, mapeamento genético, polimorfismo de nucleotídeo único (SNP), dentre outros. O entendimento desses termos é essencial porque, segundo Leal, Rôças e Barbosa (2015, p. 2), no ensino em genética é necessário passar pela “alfabetização genética” diante a uma nomenclatura exclusiva para ter compreensão ampla dos processos genéticos. Para isso, também, foi feito um esquema (Figura 3) de modo que os conceitos não ficassem muito abstratos.

Figura 3: Esquema dos conceitos básicos de genética. Imagem representativa para os conceitos trabalhados no texto do módulo como: cromossomos, gene e DNA.



Fonte: Caderno Temático - Módulo 2

No segundo momento desse módulo foram abordadas as implicações do projeto Genoma Humano e sobre os estudos de associação do genoma completo (GWAS), uma vez que os resultados de GWAS são necessários para as análises de pleiotropia diante da metodologia utilizada neste caderno.

Dessa forma, as atividades tiveram enfoque nas vantagens e limitações dos estudos de GWAS, seguindo o mesmo carácter reflexivo e investigativo do módulo anterior:

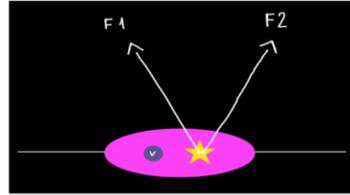
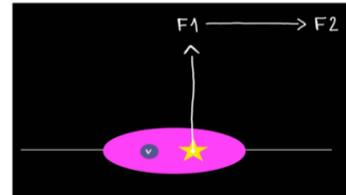
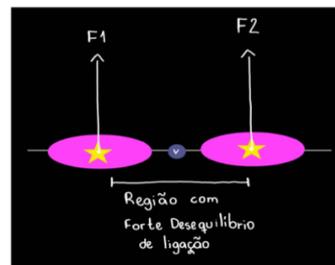
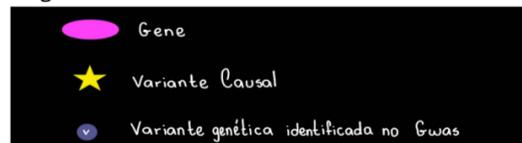
- 1) Pesquise como era feita a associação entre genótipo e fenótipo antes do advento do GWAS.
- 2) De acordo com o que foi apresentado sobre o estudo de associação do genoma completo, quais seriam as vantagens de se utilizar essa abordagem?
- 3) Indique as limitações dos estudos de GWAS.
- 4) Pesquise estudos de GWAS nos bancos de dados (*PubMed* e Google acadêmico, por exemplo) e escreva qual é a metodologia desses estudos.

Além disso, no final desse módulo, foram ofertados vídeos do *YouTube* como, por exemplo: “Como sequenciar o genoma humano” por Mark J. Kiel, do canal TED-Ed e “Por que precisamos de um mapa do ser humano” do biólogo Atila Iamarino. Ainda mais, artigos sobre GWAS e marcadores moleculares de modo a demonstrar aplicações reais da metodologia, como: “Dos Projetos Genoma à Covid-19: o papel da ciência aberta e colaborativa” (PORCIONATTO, 2020) e “O papel de marcadores moleculares na genética forense” (DECANINE, 2016). Destaca-se que, esta segunda parte está relacionada com o nível "Compreender", o qual busca trabalhar a habilidade de entender o significado sobre o assunto, possibilitando o uso do conhecimento em aplicações reais.

Módulo 3: Quais são os tipos de pleiotropia?

Como os módulos anteriores tiveram o objetivo de elucidar os conceitos básicos de Genética, por meio do módulo 3, espera-se ser possível explicar quais são os tipos de pleiotropia. A definição dos tipos de pleiotropia foi retirada do artigo “*Pleiotropy in complex traits: challenges and strategies*” (SOLOVIEFF, 2013). Segundo este artigo, há três formas de pleiotropia: a biológica, mediana e a espúria, as quais foram representadas por meio de esquemas baseados no artigo supracitado (Figura 4).

Figura 4: Esquemas representativos dos tipos de pleiotropia. 1) Pleiotropia Biológica: uma única ou várias variantes causais, marcadas por uma ou mais variantes genéticas identificadas pelo GWAS (estudos de associação em escala genômica), estão localizadas no mesmo gene que influenciam diferentes fenótipos; 2) Pleiotropia mediada: uma variante causal está associada a uma característica, a qual está no caminho causal de outra, ou seja, o mesmo gene influencia indiretamente diferentes fenótipos.; 3) Pleiotropia Espúria: ocorre quando há um viés no estudo, tendo erro de classificação de Correlação fenotípica

Pleiotropia Biológica:**Pleiotropia Mediada:****Pleiotropia Espúria:****Legenda:**

Fonte: Caderno Temático - Módulo 3

Portanto, a ideia de atividade proposta neste módulo foi favorecer a realização de uma pesquisa na literatura de modo a encontrar exemplos de pleiotropia biológica e mediana, para que os estudantes se integrem sobre diferentes metodologias de investigação da pleiotropia e melhor embasamento dos diferentes tipos. Dessa forma, isso exige o nível III da Taxonomia de Bloom, intitulado como “Avaliar”, consiste na habilidade do aluno em decompor uma ou mais partes constituintes de um determinado tema, o que é visto no presente módulo. É importante mencionar que, para compreensão desse módulo, é indispensável o entendimento dos conceitos abordados nos módulos anteriores, reforçando assim, a importância da organização sucessiva do caderno.

Módulo 4: A Bioinformática como ferramenta para estudo de pleiotropia

Neste módulo, sabendo os tipos de pleiotropia, se aborda sobre os resultados dos estudos de GWAS, chamados de *Summary statistics*, necessários para as análises de pleiotropia e, com isso, a importância do uso de ferramentas de Bioinformática para realizá-las. Os exercícios tiveram como foco a Bioinformática, procurando destacar as diversas áreas de atuação e os benefícios de utilizá-la, além dos estudos das características, Esquizofrenia e Bipolaridade, selecionados para o desenvolvimento do caderno:

- 1) Pesquise exemplos de áreas nas quais a Bioinformática está inserida ou correlacionada, e explique os benefícios de se usar essa ferramenta em cada uma delas.
- 2) Leia os artigos “*Large-scale genome-wide association analysis of bipolar disorder identifies a new susceptibility locus near ODZ4*” (DOI:[10.1038/ng.943](https://doi.org/10.1038/ng.943)) e “*Genome-wide association study identifies five new schizophrenia loci*” (DOI:[10.1038/ng.940](https://doi.org/10.1038/ng.940)), dos quais iremos usar os *Summaries statistics*, Disponibilizados no link : <https://drive.google.com/drive/folders/10K5rMIBC20wcaradsW11mYvOVnWWcervO?usp=sharing> e faça um fichamento dos artigos seguindo o modelo da seguinte tabela:

Título do estudo	Número da amostra caso	Número da amostra controle

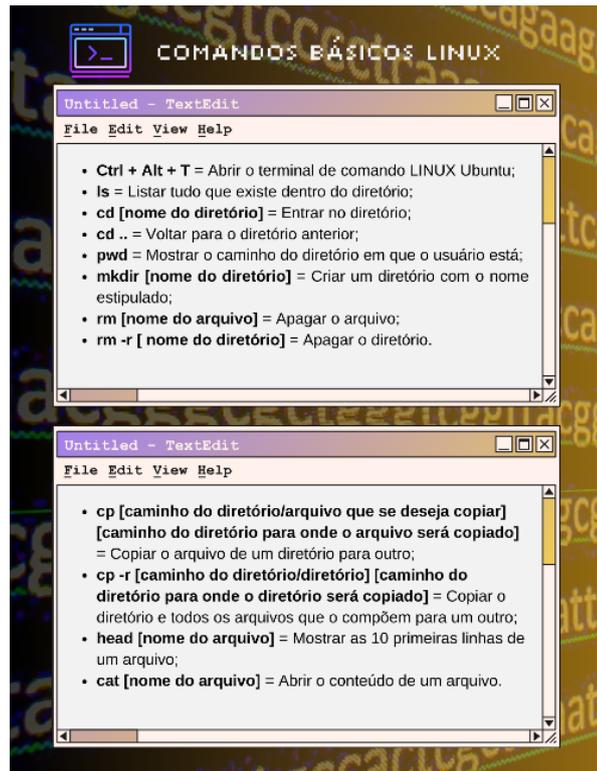
Estes *Summary statistics* foram retirados do site do consórcio “*Psychiatric Genomics Consortium*” (PGC), o qual fornece estatísticas de suas análises genômicas de modo a aumentar o conhecimento sobre os principais transtornos psiquiátricos. Portanto, a Esquizofrenia e a Bipolaridade foram escolhidas como temas de investigação devido ao grande número de publicações que apontam relações genéticas entre esses transtornos. Ademais, foi levado em consideração a facilidade de encontrar resultados de GWAS para esses fenótipos, os quais se encaixam nos parâmetros demandados pelos programas.

Segundo a Taxonomia de Bloom, este módulo pode ser associado ao nível “Aplicar”, o qual busca que os estudantes integrem partes e elementos de modos a criar uma estrutura específica. Isso porque, nesse módulo é possível que os alunos façam conexões dos campos da Computação e da Biologia Molecular, explorando as áreas de atuação e fazendo associações dos conteúdos vistos nos módulos anteriores com as aplicações desses módulos.

Módulo 5: Introdução ao GNU/LINUX

Para realizar as atividades propostas deste caderno, é necessário o acesso a um computador com LINUX, uma vez que os programas são rodados por linha de comando. Dessa forma, neste módulo, foi dada uma lista de comandos básicos para utilização do LINUX (Figura 5). Para mais, *links* de acesso a bibliotecas de comandos também foram ofertados (<https://linuxcommandlibrary.com/tips>).

Figura 5: Lista de comandos básicos do Linux necessários para desenvolver as atividades do módulo 5 do CT



Fonte: Caderno Temático - Módulo 5

A atividade neste módulo era prática, a qual consiste em explorar os comandos e organizar os arquivos e diretórios para a análise dos módulos seguintes. Com isso, o nível “Aplicar” também é o foco desse módulo, fazendo a integração e atuação das áreas associadas com o conteúdo.

Módulo 6: MAGMA e avaliação do efeito pleiotrópico

Com a explicação da parte teórica e organização dos diretórios e arquivos nos módulos anteriores, o último módulo consiste na execução da análise do efeito pleiotrópico, na qual utiliza o *software* MAGMA (LEEuw; HEKES; POSTHUMA, 2015), feita mediante a uma sequência de passos do tutorial criado para o CT. O MAGMA é uma ferramenta da Bioinformática a qual realiza análise genética e é baseada em um modelo de regressão múltipla

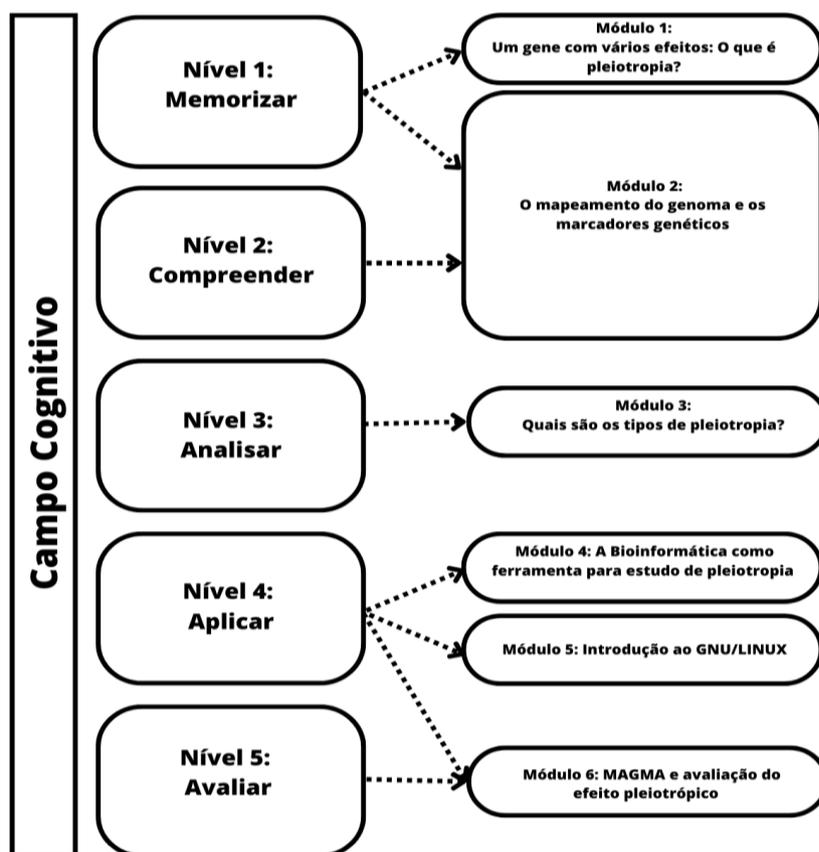
por meio dos resultados de GWAS. Assim, o uso dessa ferramenta é importante, pois agrega dados de maneira biologicamente significativa, de forma a contribuir para novos achados para características complexas. Todos os textos desenvolvidos neste módulo foram formulados com base no manual do programa, e as atividades foram de caráter prático, de modo a executar os comandos dos programas ao longo do módulo e registrar as respostas. No final da execução, é solicitado um momento de pesquisa, reflexão e interação, para que conclua o raciocínio de todo processo feito no CT:

- 1) Cole aqui a tabela gerada no ENSEMBL ⁶
- 2) Com base nos genes encontrados, escolha 3 genes e pesquise na literatura o que já possui sobre eles. Para isso, utilize banco de dados como PubMed/Google acadêmico, dentre outros. Anote o nome e DOI dos artigos e faça um pequeno resumo sobre cada estudo encontrado.
- 3) Relacione os 3 genes que você escolheu com artigos sobre Esquizofrenia e Transtorno de Bipolaridade. Há artigos sobre correlação entre esses dois fenótipos? Se sim, quais? Discuta seus resultados com seus colegas.
- 4) Como seus resultados podem contribuir com a pesquisa dessas duas doenças?

Por fim, o presente módulo também contempla o nível “Aplicar”, além do “Avaliar”. O nível “Avaliar” é o último da Categoria do Saber e tem como finalidade a formação de julgamento dos alunos. Assim, por meio de todo conhecimento adquirido nos módulos anteriores, no final deste caderno, espera-se que os alunos consigam compreender a importância de se analisar o efeito da pleiotropia e de todos os contextos que a permeiam, alcançando o objetivo final do caderno, o qual é a avaliação do efeito pleiotrópico por meio de ferramentas da Bioinformática.

Figura 2: Esquema de organização dos módulos do CT seguindo a Taxonomia de Bloom -(Página 27)

⁶ Plataforma que possui a ferramenta BioMart para realizar anotação de genes, de modo a obter mais informações sobre eles.



Este CT foi aplicado em uma disciplina eletiva do curso de Graduação em Farmácia da Universidade Federal de Ouro Preto intitulada "Introdução à Bioinformática", de modo a avaliar a didática, organização do conteúdo e tempo gasto para o desenvolvimento do caderno. Essa disciplina foi escolhida uma vez que os computadores com LINUX eram de fácil acesso, além de estar sendo dado um conteúdo que complementava o tema do CT. A turma era formada por 10 alunos de diferentes cursos, como Ciências Biológicas e Farmácia, e que estavam em períodos diferentes. É importante ressaltar que não foi perguntado se já tinham cursado a disciplina de Genética anteriormente.

Com base nessa experiência, o caderno foi melhorado para que se tornasse o mais didático possível e, além disso, prevenir potenciais erros durante o uso. O ponto principal de avaliação para realizar as modificações foram nos tutoriais dos programas. Sendo assim, os comandos que os alunos tiveram dificuldade em executar durante as aulas, foram mais detalhados posteriormente, de modo a facilitar o entendimento. Para isso, foram explicados cada arquivo e todos os pontos dos comandos para que os alunos e professores possam compreender a utilidade e em que momento utilizar esses arquivos, além de como os programas funcionam. Ademais, com esta aplicação, também foi possível melhorar a organização destes

arquivos nas pastas do *Drive*, e otimizar o tempo durante o passo-a-passo do módulo 5, momento o qual os alunos organizam o próprio diretório com os comandos LINUX.

Notou-se que para a utilização deste caderno é necessário, em média, cinco aulas de 50 minutos. Os módulos aplicados foram o 5 e o 6, porém, foi dada a parte teórica abordada nos módulos anteriores de modo a introduzir a aula, explorando as discussões das propostas nas atividades destes. Ademais, é importante dizer que as atividades de pesquisa e interpretação presentes nos primeiros módulos não foram aplicadas, uma vez que se aconselha serem realizadas em casa pelos alunos. Isso porque, as atividades práticas devem ser realizadas durante as aulas, já que demonstraram ter um grau de complexidade maior, o que requer o acompanhamento do professor em todos os passo-a-passos, gerando uma maior disposição de tempo de aula.

Com isso, nestas cinco aulas, foi dada a parte teórica dos três primeiros módulos de modo a introduzir a aula e as atividades práticas dos dois últimos, os quais consistem na iniciação ao LINUX e uso das ferramentas de Bioinformática. É importante mencionar que, mesmo sendo uma metodologia nova, posto que nenhum dos alunos já tinham tido contato com o LINUX, houve interesse e grande participação durante a aula. No final do processo, houve a retomada da definição do efeito pleiotrópico e uma discussão sobre a importância de se estudar esse processo, com o objetivo de justificar toda prática aplicada. Sendo assim, com a aplicação foi possível observar que os alunos compreenderam a pleiotropia e, com isso, espera-se que tenham dominado as “Habilidades Cognitivas” diante ao Campo Cognitivo da Taxonomia de Bloom, alcançando o objetivo final do Caderno, o qual era a avaliação de efeito pleiotrópico por meio de ferramentas da bioinformática. Com isso, é esperado que, posteriormente, os estudantes consigam dominar a próxima categoria da Taxonomia, o Campo Psicomotor, no qual os estudantes adquiram as “Habilidade Motoras”, que é quando o conteúdo aprendido é realizado com facilidade, o “saber fazer”.

6. IMPLICAÇÕES E CONSIDERAÇÕES FINAIS

Considerando que diversos genes, sobretudo aqueles envolvidos com características complexas, possuem efeito pleiotrópico e que essa é a principal condição genética para correlações fenotípicas, é evidente que é de suma importância estudá-la. Com isso, em resumo, foi possível analisar por meio da aplicação em sala de aula que o material didático elaborado neste trabalho de conclusão de curso tem potencial em contribuir com o ensino de genética, especificamente para o ensino de pleiotropia. Isso porque buscou, por meio das atividades e textos, promover a elaboração de pesquisas, reflexão e debate sobre o tema, de forma contextualizada e ativa.

Na aplicação deste CT, o professor atua como um mediador do processo de ensino-aprendizagem, o que, segundo Dos Santos (2019), permite que os estudantes desenvolvam autonomia e, desse modo, tem como resultado a emancipação do indivíduo no âmbito educacional e na vida. Isso porque, a construção da autonomia humana está relacionada com a apropriação dos conhecimentos ao longo de sua vida (DOMINGUINI, 2008) e, portanto, uma pessoa alfabetizada cientificamente é capaz de aplicar o conhecimento científico para fins individuais e sociais (SASSERON; CARVALHO, 2011). Desse modo, isso é importante pelo fato de que, para o ensino superior, o processo de ensino-aprendizagem vai além da transmissão da informação entre professor e aluno, mas busca formar um profissional competente para atuar na sociedade (GAETA, 2010). À vista disso, reforça a importância da Genética para a formação de biólogos, uma vez que é um conhecimento que perpassa por todas as áreas das Ciências da Vida (GRIFFITHS et al, 2002).

Contudo, em geral, os professores têm dificuldade de ensinar genética, já que necessitam dos estudantes um grau elevado de abstração, aulas práticas inviáveis devido ao planejamento indevido e alto custo de materiais (BELMIRO, 2017), além do alto índice de termos presentes na disciplina, como: alelo, SNP, gene, entre outros (FONSECA; BORGES, 1999). Para mais, no estudo que visou realizar uma análise estatística das concepções prévias de estudantes pré-universitários, foi observado que a maioria deles apresentavam concepções científicas erradas sobre Genética (BELMIRO, 2017). Dessa forma, o CT pode se tornar um ótimo produto educacional de modo a auxiliar a reduzir essas dificuldades, uma vez que oferece uma prática estruturada, de baixo custo e atualizada, além de retomar os conceitos básicos diante à alfabetização genética.

Ademais, o uso de ferramentas da Bioinformática no CT implica não somente na implementação dessa ciência moderna, mas, também, garante que os alunos desenvolvam

autonomia na prática investigativa. Sendo assim, esse CT pode diminuir as lacunas tanto da literatura, a qual carece de metodologias de ensino de Genética para o nível superior (MATOS FILHO, 2008), quanto nos currículos das graduações na Ciências da Vida que, em sua maioria, não possuem a disciplina de Bioinformática (RIBEIRO JUNIOR et al, 2012).

Com isso, conclui-se que, levando em consideração a importância de uma abordagem mais aprofundada da pleiotropia no ensino superior, este material, de acordo com o estudo preliminar, tem potencial em ser um apoio pedagógico ao docente de Genética, além de auxiliar os alunos no desenvolvimento de conhecimentos sobre os processos e avaliação da pleiotropia. Para mais, este CT também pode ser utilizado como material introdutório de Bioinformática aos discentes.

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALMEIDA, Geraldo Peçanha de. Transposição didática: por onde começar. São Paulo: Cortez, 2007.

ARANHA, Maria Lúcia de Arruda; MARTINS, Maria Helena Pires. Filosofando: introdução à filosofia. 2. ed. rev e atual. São Paulo: Editora Moderna, 1993. 395 p.

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, fev. 2023.

BASSALOBRE, Janete. Ética, Responsabilidade Social e Formação de Educadores. Educação em Revista. Belo Horizonte, v.29, n.01, p.311-317, mar. 2013

BASTOS, Celso Cunha. Metodologias ativas. Educação e medicina, v. 24, 2006.

BELMIRO, Michel Stórquio et al. Ensino de genética no ensino médio: uma análise estatística das concepções prévias de estudantes pré-universitários. **Revista Práxis**, v. 9, n. 17, p. 95-102, 2017.

BERBEL, Neusi. As metodologias ativas e a promoção da autonomia dos estudantes. Semina: Ciências Sociais e Humanas, Londrina, v.32. n.1, p.25-40, jan./jun.2011.

BLOOM, Benjamin.; ENGELHART, M. D.; FURST, E. J.; HILL, W. H.; KRATHWOHL, David. Taxonomy of educational objectives: the classification of educational goals. Handbook I: Cognitive domain. New York: David McKay Company, 1956.

BRENNER, S. Thoughts on genetics at the fin the siècle. Trends in Genetics, 9(4): 104, 1993.

CABRAL, Mirela Moraes Waldemarin. A utilização da taxonomia de Bloom no processo de ensino-aprendizado para alunos do ensino superior. Revista Calafiori, v. 3, n. 1, p. 32-38, 2019.

CALDARELLI, Pablo Guilherme. A importância da utilização de práticas de metodologias ativas de aprendizagem na formação superior de profissionais da saúde. **Revista Sustinere**, v. 5, n. 1, p. 175-178, 2017.

CARVALHO, A. M. P. (2013) Ensino de Ciências e a proposição de sequências de ensino investigativas. In Carvalho, A. M. P. (Org.). Ensino de Ciências por Investigação: condições para implementação em sala de aula. (pp. 1–20). São Paulo, SP: Cengage Learning

CHEVALLARD, Yves. La transposition didactique: du savoir savant au savoir enseigné. La Pensée Sauvage Éditions: Grenoble, 1991

COSTA, Sandra Regina Santana; DUQUEVIZ, Barbara Cristina; PEDROZA, Regina Lúcia Sucupira. Tecnologias Digitais como instrumentos mediadores da aprendizagem dos nativos digitais. **Psicologia Escolar e Educacional**, v. 19, p. 603-610, 2015.

DA SILVA SOUZA, Cacilda; IGLESIAS, Alessandro Giraldes; PAZIN-FILHO, Antonio. Estratégias inovadoras para métodos de ensino tradicionais—aspectos gerais. *Medicina (Ribeirão Preto)*, v. 47, n. 3, p. 284-292, 2014.

DECANINE, Daniela. O papel de marcadores moleculares na genética forense. *Rev. Bras. Crimin.*, v. 5, n. 2, p. 18-27, 2016.

DE SOUZA, Marcos. o real conceito de nativos e imigrantes digitais nas redes sociais digitais: conceitos, vivências e comportamento. 2013.

DIESEL, Aline; BALDEZ, Alda Leila Santos; MARTINS, Silvana Neumann. Os princípios das metodologias ativas de ensino: uma abordagem teórica. *Revista Thema*, v. 14, n. 1, p. 268-288, 2017.

DOMINGUINI, Lucas. A transposição didática como intermediadora entre o conhecimento científico e o conhecimento escolar. *Revista Eletrônica de Ciências da Educação*, v. 7, n. 2, 2008.

DOS SANTOS, Flávia Maria Teixeira. Unidades Temáticas-Produção de material didático por professores em formação inicial. *Experiências em Ensino de Ciências*, v. 2, n. 1, p. 1-11, 2007.

DOS SANTOS, Tiago Silva. A utilização das metodologias ativas no processo de inovação da práxis pedagógica. V Encontro Estadual de Ensino de História – Narrativas em disputa: usos do conhecimento histórico. Out. 2019

DURÉ, Ravi Cajú; ANDRADE, Maria José Dias; ABILIO, Francisco José Pegado. Ensino de em: <<http://www.nutes.ufrj.br/abrapec/viiienpec/resumos/R0199-1.pdf>>. Encontro Nacional de Pesquisa em Educação em Ciências, v. 8, p.1-12, 2013.

ESTEVAM, C.S; SILVA, F.A. R; ZAMA, U.S. Pesquisa em Ensino de Ciências: Um Enfoque no Futuro do Ensino de Genética. REVISTA FORMAÇÃO, v. 8, p. 5-19, n. 2016. Disponível em: <<http://www3.izabelahendrix.edu.br/ojs/index.php/fdc/article/view/1041>>.

FARIAS M, E.; PROCHNOW, T. R. Formação inicial de professores: um trabalho com unidade temática. **IV Colóquio Internacional Educação e Contemporaneidade**, 2010.

FONSECA, Márcia Santos; BORGES, Antônio Tarciso. A produção de material didático e o desenvolvimento profissional de professores de ciências. II Encontro Nacional de Pesquisa em Educação em Ciências (II ENPEC). Valinhos, SP: Associação Brasileira de Pesquisa em Educação em Ciências (ABRAPEC), 1999.

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, 2011. Disponível em: <https://journals.plos.org/ploscompbiol/article?id=10.1371/journal.pcbi.1002243>. Acesso em: 28 fev. 2021.

FREIRE, Paulo. Pedagogia da Autonomia. Saberes necessários à prática educativa. 51ªed. Rio de Janeiro: Paz e terra, 2015

GAETA, Cecília; MASETTO, Marcos. Metodologias ativas e o processo de aprendizagem na perspectiva da inovação. In: **Congresso internacional PBL**. 2010.

GALHARDI, Antônio César & AZEVEDO, Marília Marcorin de Avaliações de aprendizagem: uso da taxonomia de Bloom. ISSN: 2175-1897 p. 237-247, 2013

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

GERICKE, N.M.; HAGBERG, M.; SANTOS, V.C. dos; JOAQUIM, L.M.; EL-HANI, C. N. Conceptual variantios or incoherence? Textbook discourse on genes in six countries. Sci & Edu. v. 23, p. 381-416, 2012.

GEWIN, Virginia. Education: Inspiration for informatics. *Nature*, v. 478, n. 7367, p. 143-145, 2011.

GIACOIA, Luciano Rogério Destro; BORTOLOZZI, Jehud; CALDEIRA, Ana Maria de Andrade. Concluintes do ensino médio e o conhecimento de genética. *Rev. Cereus*. v. 6, n.1, p. 157-174, 2014.

GOLDBACH, T. BERDOR, P. Estão os livros didáticos de biologia incorporando questões provindas do campo da pesquisa em ensino da área, como no caso do ensino de genética. *Encontro Nacional de Pesquisa em Educação em Ciências*, v. 8, p.1-12, 2013. Disponível em: <<http://www.nutes.ufrj.br/abrapec/viiienpec/resumos/R0199-1.pdf>>.

GRIFFITHS Antony, GELBART William, MILLER Jeffrey., LEWONTIN Richard. *Genética Moderna*. Guanabara Koogan: Rio de Janeiro, 2002.

HAGEN, Joel B. The origins of bioinformatics. *Nature Reviews Genetics*, v. 1, n. 3, p. 231-236, 2000 <http://www.comciencia.br/reportagens/bioinformatica/bio10.shtml>, 2003.

IAMARINO, Atila. Por que precisamos de um mapa do ser humano. YouTube, maio de 2022. Disponível em: <https://www.youtube.com/watch?v=DshWwE4sVqY>

KIEL, Mark J. Como sequenciar o genoma humano. YouTube, 2014. Disponível em: <https://www.youtube.com/watch?v=MvuYATh7Y74&t=43s>

KORTE, A., Farlow, A. The advantages and limitations of trait analysis with GWAS: a review. *Plant Methods* 9, 29 (2013). <https://doi.org/10.1186/1746-4811-9-29>

KRASICHIK, Myriam. *Prática de Ensino de Biologia*. 4.ed. São Paulo: Editora da Universidade de São Paulo, 2008.

KULMINSKI, Alexander M. et al. Predisposição pleiotrópica para a doença de Alzheimer e nível educacional: percepções da análise estatística resumida. *GeroScience* , pág. 1-16, 2022.

LEAL, C. A.; RÔÇAS, G.; BARBOSA, J. V. A genética na educação básica. In: X Encontro Nacional de Pesquisa em Educação em Ciências. São Paulo, 2015, p. 1-8. Disponível em: <http://www.abrapecnet.org.br/enpec/x-enpec/anais2015/listaresumos.htm>.

LEEUW. CA, Mooij JM, Heskes T, Posthuma D (2015) MAGMA: Generalized Gene-Set Analysis of GWAS Data. *PLoS Comput Biol* 11(4): e1004219. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1004219>

LIBÂNEO, José Carlos. Fundamentos teóricos e práticos do trabalho docente: estudo introdutório sobre pedagogia e didática. Tese de Doutorado. (Doutorado em Educação) – Programa de Pós-Graduação em Educação da Pontifícia Universidade Católica – PUC. São Paulo, 1990.

MARQUES, I. et al. Bioinformatics Projects Supporting Life-Sciences Learning in High Schools. *Plos Computational Biology*, v. 10, n. 1, p. 2-6, 2014.

MARQUES, I. et al. Bioinformatics Projects Supporting Life-Sciences Learning in High Schools. *Plos Computational Biology*, v. 10, n. 1, p. 2-6, 2014. Disponível em: <https://journals.plos.org/ploscompbiol/article?id=10.1371/journal.pcbi.1003404>.

MATOS FILHO, M. A. S. et al. A transposição didática em chevallard: as deformações/transformações sofridas pelo conceito de função em sala de aula. Congresso Nacional de Educação. 2008. p. 1191-1201. Disponível em: http://www.pucpr.br/eventos/educere/educere2008/anais/pdf/431_246.pdf.

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

MORAES, Isabelle de Oliveira. Bioinformática no Ensino de Biologia: revisão bibliográfica e a concepção de educadores. 2019. 81 f. Trabalho de Conclusão de Curso (Especialização em Ensino de Ciências e Biologia) – Colégio Pedro II, Pró-Reitoria de Pós-Graduação, Pesquisa, Extensão e Cultura, Rio de Janeiro, 2019

MOTA, Everton Silva. Bioinformática no ensino de genética para o curso de graduação de Ciências Biológicas sob metodologia ativa. 2018.

OLIVERA, S. W. Taxonomia de bloom. Universidad Cesar Vallejo, v. 4, 2011.

OSBORNE, J. (2016). Defining a knowledge base for reasoning in Science: the role of procedural and epistemic knowledge. In Duschl, R. A., & Bismarck, A. S. (eds.), *Reconceptualizing STEM Education: the central role of practice*. New York, NY: Routledge.

OUZOUNIS, C. A. Rise and demise of bioinformatics? promise and progress. *PLoS Computational Biology*, v. 8, n. 4, p. 1–5, 2012

PACHECO, D. Laboratório de Bioinformática une computação e biologia na solução de problemas. Disponível em: <<https://jornal.usp.br/ciencias/laboratorio-de-bioinformatica-une-computacao-e-biologia-na-solucao-de-problemas/>>. Acesso em: 16. out. 2022

PESCADOR, Cristina M. Tecnologias digitais e ações de aprendizagem dos nativos digitais. In: *Anais do V Congresso Internacional de Filosofia e Educação*. 2010.

PETERSON, R. L. Correlações genéticas e fenotípicas - Colunas - Aquaculture Brasil - O maior portal brasileiro sobre aquicultura. Disponível em: <<https://www.aquaculturebrasil.com/coluna/168/correlacoes-geneticas-e-fenotipicas#:~:text=Definimos%20como%20correla%C3%A7%C3%A3o%20positiva%20quando>>. Acesso em: 24 out. 2022.

PIERCE, Benjamin A. **Genética - Um Enfoque Conceitual, 5ª edição** . [Digite o Local da Editora]: Grupo GEN, 2016. *E-book*. ISBN 9788527729338. Disponível em: <https://integrada.minhabiblioteca.com.br/#/books/9788527729338/>. Acesso em: 06 mar. 2023.

PINHO ALVES, José. Regras da transposição didática aplicada ao laboratório didático. *Caderno Catarinense de Ensino de Física*, v. 17. n° 2. Florianópolis, ago/2000a.

PORCIONATTO, Marimelia. Dos Projetos Genoma à Covid-19: o papel da ciência aberta e colaborativa. *Circumscribere International Journal for the History of Science*, v. 26, p. 1-7, 2020.

PRENSKY, Marc R. **Ensinando nativos digitais: Parceria para aprendizado real** . Editora Corwin, 2010.

RIBEIRO JUNIOR, Howard Lopes; OLIVEIRA, Roberta Taiane Germano de; CECCATTO, Vânia Marilande. *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. 01, p. 129-138, 2012.

SALINAS, Yasmmyn D.; WANG, Zuoheng; DEWAN, Andrew T. Descoberta e análise de mediação de associações de fenótipos cruzados entre asma e índice de massa corporal em 12q13. 2. *American Journal of Epidemiology*, v. 190, n. 1, pág. 85-94, 2021

SASSERON, L. Helena; CARVALHO, Anna Maria Pessoa de. Alfabetização científica: uma revisão bibliográfica. *Revista Investigações em Ensino de Ciências – V16, n 1, p 59- 77, 2011a*. Disponível em: <http://143.54.40.221/index.php/ienci/article/view/246>. Acesso em: 28 fev. 2023.

SASSERON, Lúcia Helena. Ensino de ciências por investigação e o desenvolvimento de práticas: uma mirada para a base nacional comum curricular. **Revista Brasileira de Pesquisa em Educação em Ciências**, p. 1061-1085, 2018.

SCARPA, Daniela Lopes; CAMPOS, Natália Ferreira. Potencialidades do ensino de Biologia por Investigação. **Estudos avançados**, v. 32, p. 25-41, 2018.

SCHAEFER, GB; THOMPSON, James. **Genética Médica**. [Digite o Local da Editora]: Grupo A, 2015. *E-book*. ISBN 9788580554762. Disponível em: <https://integrada.minhabiblioteca.com.br/#/books/9788580554762/>. Acesso em: 06 mar. 2023.

SETUBAL, João Carlos. A origem e o sentido da bioinformática. **Revista Científica da SBPC**, disponível em:

SNUSTAD, D P.; SIMMONS, Michael J. **Fundamentos de Genética, 7ª edição**. [Digite o Local da Editora]: Grupo GEN, 2017. *E-book*. ISBN 9788527731010. Disponível em: <https://integrada.minhabiblioteca.com.br/#/books/9788527731010/>. Acesso em: 06 mar. 2023.

SOLOVIEFF, N., Cotsapas, C., Lee, P. *et al.* Pleiotropy in complex traits: challenges and strategies. *Nat Rev Genet* 14, 483–495 (2013). <https://doi.org/10.1038/nrg3461>

TEMP, Daiana Sonogo; BARTHOLOMEI-SANTOS, Marlise Ladvocat. O ensino de Genética: a visão de professores de Biologia. **Rev. Cient. Schola**, v. 2, n. 1, p. 83-95, 2018.

TEZANI, Thaís Cristina Rodrigues. Nativos digitais: considerações sobre os alunos contemporâneos e a possibilidade de se (re) pensar a prática pedagógica. **DOXA: Revista Brasileira de Psicologia e Educação**, v. 19, n. 2, p. 295-307, 2017.

WEFER, Stephen H.; SHEPPARD, Keith. Bioinformática nos currículos de biologia do ensino médio: um estudo dos padrões estaduais de ciências. **CBE—Educação em Ciências da Vida**, v. 7, n. 1, pág. 155-162, 2008.

ZATZ, Mayana. Genética: a escolha que nossos avós não faziam. São Paulo: Globo, 2012.

8. APÊNDICE

8.1.Caderno temático