



INSTITUTO FEDERAL DE EDUCAÇÃO, CIÊNCIA E TECNOLOGIA DO PIAUÍ
CAMPUS VALENÇA
CURSO LICENCIATURA EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

ANTONIA PEREIRA DE SOUSA COSTA

ENSINO PRÁTICO DE GENÉTICA E BIOLOGIA MOLECULAR COM
APLICAÇÃO DE UMA FERRAMENTA BIOINFORMÁTICA: EXPERIÊNCIA COM
LICENCIANDOS EM BIOLOGIA

VALENÇA DO PIAUÍ
2025

ANTONIA PEREIRA DE SOUSA COSTA

**ENSINO PRÁTICO DE GENÉTICA E BIOLOGIA MOLECULAR COM
APLICAÇÃO DE UMA FERRAMENTA BIOINFORMÁTICA: EXPERIÊNCIA COM
LICENCIANDOS EM BIOLOGIA**

Trabalho de Conclusão de Curso (artigo científico) apresentado como exigência parcial para obtenção do diploma do Curso de Licenciatura em Ciências Biológicas do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Piauí, Campus Valença .

Orientadora: Prof^a. Dr^a. Lilian Rosalina Gomes Silva.

Coorientador: Prof. Me. Mayla Costa Magalhães

VALENÇA DO PIAUÍ

2025

Antônia Pereira de Sousa Costa ¹

Lilian Rosalina Gomes Silva ²

RESUMO

Este estudo investigou o uso de ferramentas bioinformáticas como recurso didático no ensino de genética e biologia molecular, buscando compreender seu potencial formativo na Licenciatura em Ciências Biológicas. O objetivo foi avaliar de que forma a aplicação prática do GenBank e do software MEGA pode contribuir para a aprendizagem conceitual, o desenvolvimento de competências investigativas e a percepção dos licenciandos sobre o uso de tecnologias digitais na educação. A pesquisa, de natureza aplicada, com abordagem mista e caráter exploratório-intervencionista, foi realizada com 15 estudantes concluintes do curso. A intervenção ocorreu em quatro encontros, envolvendo aulas teóricas e atividades práticas de coleta de dados genéticos, alinhamento de sequências e construção de árvores filogenéticas. A análise dos dados combinou estatística descritiva e análise de conteúdo das respostas abertas. Os resultados indicaram melhora no desempenho geral, especialmente em itens relacionados à percepção da utilidade das ferramentas e à articulação entre teoria e prática. Os relatos qualitativos revelaram entusiasmo, motivação e reconhecimento do valor pedagógico da bioinformática. Apesar de algumas limitações, como a curta duração da intervenção, concluiu-se que o uso planejado e orientado dessas ferramentas pode enriquecer a formação docente, tornando o ensino mais dinâmico, contextualizado e alinhado às demandas contemporâneas.

Palavras-chave: ferramentas digitais; análise filogenética; sequências genéticas; metodologias ativas.

ABSTRACT

This study investigated the use of bioinformatics tools as a didactic resource in teaching genetics and molecular biology, aiming to understand their formative potential in the Biological Sciences Teacher Education program. The objective was to evaluate how the practical application of GenBank and MEGA software can contribute to conceptual learning, the development of investigative skills, and students' perception of the use of digital technologies in education. The research, applied in nature, with a mixed-methods approach and exploratory-interventionist design, was conducted with 15 graduating students. The intervention took place over four sessions, involving theoretical classes and practical activities for genetic data collection, sequence alignment, and phylogenetic tree construction. Data analysis combined descriptive statistics with content analysis of open-ended responses. Results indicated an overall improvement in performance, especially in items related to the perceived usefulness of the tools and the integration between theory and practice. Qualitative reports revealed enthusiasm, motivation, and recognition of the pedagogical value of bioinformatics. Despite some limitations, such as the short duration of the intervention, it is concluded that the planned

¹ Graduando em Licenciatura em Ciências Biológicas. Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Piauí - *Campus* Valença. E-mail: antoniapereira234510@gmail.com.

² Doutora em Ciência Animal com ênfase em melhoramento genético. Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Piauí-*Campus* Valença. E-mail: lilian.rosalina@ifpi.edu.br.

and guided use of these tools can enrich teacher education, making science teaching more dynamic, contextualized, and aligned with contemporary educational demands.

Keywords: digital tools; phylogenetic analysis; genetic sequences; active methodologies.

Data de aprovação do TCC: 08/08/2025

1 INTRODUÇÃO

A biologia molecular e a genética são áreas fundamentais para compreender os processos biológicos e as interações entre os seres vivos. O desenvolvimento da bioinformática, que une biologia e ciência da computação, tem sido essencial para a análise e interpretação de dados genéticos, permitindo alinhamentos de sequências, comparações genômicas e construção de árvores filogenéticas (Iqbal; Kumar, 2023; Silva; Alves, 2024). Esses avanços ampliam as possibilidades de estudo e aplicação em diferentes campos, integrando dados moleculares a informações evolutivas (Tamura; Stecher; Kumar, 2021; Felsenstein, 2004).

Apesar de consolidada na pesquisa científica, a inserção da bioinformática no ensino ainda enfrenta desafios, principalmente na formação inicial de professores. Muitos licenciandos em Ciências Biológicas apresentam dificuldades em aplicar conhecimentos de genética e biologia molecular de forma prática e contextualizada, especialmente no uso de ferramentas digitais e bancos de dados genéticos (Ribeiro Júnior et al., 2012).

Nesse sentido, a utilização de recursos bioinformáticos no ensino pode favorecer a compreensão de conceitos complexos e o desenvolvimento de competências investigativas e analíticas, aproximando os licenciandos das práticas científicas contemporâneas. A Base Nacional Comum Curricular (BNCC) destaca, entre suas competências, o desenvolvimento do pensamento científico (Competência 2), o uso ético e reflexivo das tecnologias digitais (Competência 5) e a argumentação baseada em dados confiáveis (Competência 7) (BRASIL, 2018).

Ferramentas digitais e ambientes virtuais, como simuladores e plataformas de gamificação, também têm se mostrado eficientes para tornar o ensino mais dinâmico, interativo e alinhado às práticas investigativas. De forma complementar, os Parâmetros Curriculares Nacionais (PCNs) reforçam a importância de metodologias que promovam autonomia, investigação e a integração entre teoria e prática no ensino de Ciências (BRASIL, 2002).

Diante desse cenário, este estudo tem como objetivo investigar de que forma o uso prático de ferramentas bioinformáticas e bancos de dados genéticos, como o MEGA (*Molecular Evolutionary Genetics Analysis*) e o GenBank (*Genetic Sequence Database*), pode melhorar a aprendizagem de conteúdos de genética e biologia molecular, bem como avaliar as percepções e competências desenvolvidas por estudantes concluintes da Licenciatura em Ciências Biológicas. Para tanto, foi elaborada uma sequência didática estruturada em quatro encontros, envolvendo aulas teóricas introdutórias, exploração de sequências no GenBank, análises filogenéticas no MEGA e discussão coletiva dos resultados.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Fundamentos de Genética, Biologia Molecular e Filogenética

A genética é uma ciência que investiga os genes, a hereditariedade e a variação nos organismos, buscando compreender as regras que controlam a transmissão da informação genética em diferentes níveis, desde as interações gênicas dentro das células até a herança entre gerações e populações (Griffiths *et al.*, 2020). Com o avanço da biologia molecular, o foco dessas investigações se expandiu para a análise da estrutura, função e regulação dos ácidos nucleicos e das proteínas por eles codificadas, possibilitando a identificação de genes específicos, a caracterização de genomas completos e o entendimento detalhado da expressão gênica por meio da integração entre métodos experimentais e computacionais (Alberts *et al.*, 2022).

A filogenética, por sua vez, aplica métodos quantitativos e comparativos para reconstruir relações evolutivas entre organismos, frequentemente representadas por árvores filogenéticas (Felsenstein, 2004). Com a popularização das técnicas de sequenciamento e a disponibilidade de grandes repositórios de dados, como o GenBank, tornou-se viável a comparação de sequências de DNA e proteínas para estimar proximidade evolutiva, identificar padrões de conservação genética e investigar a história evolutiva de populações e espécies (Tamura; Stecher; Kumar, 2021). A inter-relação entre genética, biologia molecular e filogenética constitui a base conceitual para a aplicação da bioinformática no ensino e na pesquisa, promovendo a análise crítica de dados reais e aproximando teoria e prática na formação científica.

2.2 O Ensino de Genética e Biologia Molecular na Formação de Professores

No estudo de Adelana *et al.* (2024), é destacado que o ensino de genética ainda representa um desafio na formação de professores de Biologia. Isso acontece, principalmente, por causa da complexidade dos conteúdos e das dificuldades que muitos alunos enfrentam para compreendê-los. Eles relataram que a decisão de usar ferramentas digitais, como a inteligência artificial, está relacionada à influência de colegas e professores e também à forma como os licenciandos enxergam essas tecnologias no contexto do ensino.

Mesmo reconhecendo o potencial dessas ferramentas, muitos estudantes ainda não se sentem preparados ou confiantes para utilizá-las na prática. Por isso, reforça-se a importância de uma formação inicial que vá além do conteúdo teórico e também ajude a desenvolver habilidades tecnológicas e metodológicas para lidar com temas complexos como a genética.

De acordo com Lopes e Güllich (2020), a maioria das propostas didáticas segue uma abordagem muito técnica e focada em conteúdos estruturais. Segundo os autores, ainda há pouco espaço para discussões sobre temas sociais, éticos ou culturais relacionados à genética. Essa falta de diversidade nas estratégias pedagógicas pode dificultar uma aprendizagem mais crítica e conectada com a realidade dos alunos. Integrar assuntos como bioética, biotecnologia e genética populacional pode ajudar a tornar o ensino mais atual, reflexivo e significativo para os estudantes.

Um estudo feito por Sousa *et al.* (2025) também reforça o potencial das metodologias ativas no ensino de genética. Os autores compararam turmas que usaram atividades mais participativas com outras que seguiram métodos mais tradicionais e perceberam que os alunos das primeiras se mostraram mais engajados, entenderam melhor os conteúdos e conseguiram relacionar a teoria com a prática.

Diante disso, é importante que os cursos de Licenciatura em Ciências Biológicas incluam experiências formativas que unam teoria, prática e uso de tecnologias. Como a genética e a biologia molecular envolvem muitos conceitos interligados e em constante atualização, é fundamental que os futuros professores tenham contato com abordagens que estimulem a curiosidade, o pensamento crítico e a construção do conhecimento de forma contextualizada.

2.3 A Bioinformática como Ferramenta Educacional

Uma análise recente sobre o uso da bioinformática na educação científica é apresentada por Mello *et al.* (2025), que conduziram uma revisão sistemática da literatura brasileira sobre o tema. Os autores destacam que a bioinformática tem sido utilizada como recurso para promover aprendizagens ativas, interdisciplinares e contextualizadas, especialmente em ambientes educacionais voltados ao ensino de Ciências. No entanto, o estudo também aponta obstáculos que ainda dificultam sua ampla implementação, como a precariedade da infraestrutura em muitas instituições de ensino, a carência de formação específica para os professores e as dificuldades enfrentadas pelos estudantes na interpretação de dados biológicos complexos.

Uma iniciativa prática descrita por Braga *et al.* (2021), sob o projeto “Bioinformática na Estrada”, levou oficinas teórico-práticas a regiões remotas do Pará. Durante eventos que envolveram 444 participantes, observou-se aumento no desenvolvimento técnico-científico e na inclusão digital entre estudantes de graduação, por meio da aplicação contextualizada de ferramentas bioinformáticas.

Adicionalmente, em Belo Horizonte (2024), Costa *et al.* implementaram um curso piloto de programação em bioinformática voltado para estudantes do ensino médio. A proposta integrava a linguagem Scratch e problemas reais de biologia molecular, utilizando estratégias como gamificação e aprendizagem baseada em investigação. A experiência resultou em maior engajamento, motivação e compreensão dos conceitos, conforme relataram os próprios alunos ao final das atividades.

Um exemplo concreto da aplicação de bioinformática no ensino médio é apresentado por Martins *et al.* (2020), que desenvolveram uma sequência de quatro oficinas intituladas “Mining the Genome”. Nessa proposta, estudantes utilizaram ferramentas como GenBank (*Genetic Sequence Database*), BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*) e PDB (*Protein Data Bank*) para explorar dados genéticos reais. As atividades possibilitaram a compreensão de temas como estrutura gênica, alinhamento de sequências e homologia. De acordo com os autores, os alunos demonstraram maior envolvimento na resolução de problemas, aprimoraram sua habilidade de interpretar dados moleculares e conseguiram estabelecer conexões entre conceitos abstratos da biologia molecular e aplicações práticas do conteúdo científico.

Essas experiências dialogam com as diretrizes da Base Nacional Comum Curricular (BNCC), que propõe, entre suas competências gerais, o desenvolvimento do pensamento científico, crítico e criativo (Competência 2), assim como o uso ético, responsável e reflexivo de tecnologias digitais (Competência 5) como parte do processo formativo dos estudantes

(BRASIL, 2018). Além disso, os Parâmetros Curriculares Nacionais (PCNs) para o Ensino Médio ressaltam a importância de práticas pedagógicas que favoreçam a contextualização dos conteúdos, a investigação e a autonomia intelectual dos alunos, incentivando a aplicação do conhecimento científico em situações cotidianas (BRASIL, 2002).

2.4 Ferramentas Bioinformáticas Aplicadas ao Ensino

2.4.1 GenBank

O GenBank é um repositório público e gratuito de sequências de nucleotídeos mantido pelo NCBI (*National Center for Biotechnology Information*), integrante da conjuntura global da INSDC (*International Nucleotide Sequence Database Collaboration*) (Sayers *et al.*, 2025). Em 2025, o banco ultrapassou a marca de 34 trilhões de pares de bases distribuídos em 4,7 bilhões de registros, abarcando mais de 581 mil espécies (Sayers *et al.*, 2025). O NCBI Datasets disponibiliza interfaces web, ferramentas de linha de comando e APIs (OpenAPI), além de pacotes de dados que combinam sequências e metadados; essa abordagem, apoiada por metadados extensos e esquemas documentados, promove atribuição adequada e reúso (O’Leary *et al.*, 2024).

No ensino, o GenBank pode ser empregado em atividades que envolvem pesquisa, alinhamento por BLAST e identificação de genes ou regiões codificadoras, explorando dados reais disponíveis na base (NCBI, 2024). Projetos de *DNA barcoding* — técnica que utiliza um pequeno trecho padronizado do DNA para identificar espécies — ilustram esse uso: os estudantes executam desde a extração de DNA e amplificação por PCR (*Polymerase Chain Reaction*, reação em cadeia da polimerase) até o sequenciamento, análise via BLAST e submissão dos *barcodes* ao GenBank, vivenciando o ciclo completo da produção científica (Cold Spring Harbor Laboratory, 2024).

2.4.2 MEGA

O MEGA (Molecular Evolutionary Genetics Analysis) é um software de uso livre desenvolvido para análise evolutiva comparativa e construção de árvores filogenéticas. A versão MEGA 11 traz recursos inéditos como métodos de datação por relógio molecular relaxado, interface aprimorada para grandes alinhamentos e suporte a calibradores temporais (Tamura; Stecher; Kumar, 2021). Sua interface GUI (*Graphical User Interface*, que permite

interação por elementos visuais como menus e botões) e a versão em linha de comando o tornam acessível tanto para estudantes quanto para pesquisadores (MEGA Software, 2024).

No contexto didático, o MEGA é utilizado para alinhar múltiplas sequências de DNA, RNA ou proteínas, colocando-as lado a lado para identificar semelhanças e diferenças. A partir desses alinhamentos, o software permite selecionar modelos evolutivos adequados, ou seja, representações matemáticas de como ocorrem as mutações ao longo do tempo, e construir árvores filogenéticas por métodos como *Maximum Likelihood* (que busca a árvore mais provável de acordo com os dados e o modelo) ou *Neighbor Joining* (que agrupa as sequências mais próximas com base em suas distâncias genéticas). O programa também realiza avaliações de confiança nos agrupamentos da árvore por meio do método *bootstrap*, que reamostra os dados diversas vezes para calcular a probabilidade de cada relação (Zou *et al.*, 2024). Essa prática auxilia os alunos a compreender as relações evolutivas entre espécies e interpretar as distâncias genéticas de forma fundamentada.

Laboratórios didáticos recentes utilizam o MEGA para estudos filogenéticos, como análises da evolução do SARS-CoV-2, onde os estudantes coletam sequências no GenBank, realizam alinhamentos e constroem árvores para interpretar mutações e clados evolutivos (CDC, 2022). Paralelamente, o MEGA é frequentemente citado em publicações científicas, reforçando sua legitimidade como ferramenta de análise comparativa (Tamura; Stecher; Kumar, 2021).

O uso articulado de GenBank e MEGA permite desenvolver sequências didáticas investigativas: os estudantes coletam dados reais, constroem datasets, realizar alinhamentos, selecionam modelos evolutivos, geram árvores filogenéticas e interpretam suas hipóteses científicas com base nos parâmetros obtidos. Essa abordagem está alinhada às competências da BNCC (pensamento científico crítico, uso significativo de tecnologias digitais) e aos PCNs (contextualização, investigação e aplicação científica), fortalecendo a formação científica dos futuros docentes.

3 METODOLOGIA

A presente seção descreve os procedimentos adotados para o planejamento e desenvolvimento da pesquisa, considerando sua abordagem, classificação, contexto de aplicação, perfil dos participantes, instrumentos de coleta de dados e forma de análise. O

detalhamento metodológico visa garantir a transparência e a reprodutibilidade do estudo, conforme os critérios de rigor exigidos na pesquisa em educação.

3.1 Tipo, abordagem e classificação da pesquisa

A pesquisa proposta apresenta natureza aplicada, pois busca não apenas gerar conhecimento teórico, mas também propor soluções práticas e contextualizadas para o ensino de Genética Molecular no curso de Licenciatura em Ciências Biológicas. De acordo com Gil (2010), pesquisas aplicadas são aquelas motivadas por problemas concretos, voltadas à transformação da realidade investigada, com impacto direto sobre a prática profissional.

O delineamento metodológico é exploratório e intervencionista. A característica exploratória se justifica pela investigação de percepções, lacunas e possibilidades de ensino ainda pouco sistematizadas no contexto da formação docente com ferramentas bioinformáticas. Já o caráter intervencionista se refere à implementação de uma sequência didática prática, que objetiva transformar a forma como os licenciandos se relacionam com conteúdos de genética e ferramentas computacionais.

A pesquisa adota uma abordagem metodológica mista, articulando procedimentos quantitativos descritivos e qualitativos interpretativos. Essa opção se justifica pela necessidade de compreender não apenas a frequência de determinadas percepções ou conhecimentos, mas também os significados atribuídos pelos sujeitos à experiência vivenciada. Conforme Marconi e Lakatos (2017), o uso combinado de métodos enriquece a análise dos dados e amplia a compreensão sobre o fenômeno investigado, especialmente em pesquisas aplicadas no campo educacional.

3.2 Local da pesquisa e participantes

A pesquisa foi realizada no Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Piauí (IFPI)-Campus Valença do Piauí, localizado na cidade de Valença do Piauí, a aproximadamente 210 km de Teresina.

Valença do Piauí está inserida na região semiárida nordestina, a qual apresenta desafios estruturais no acesso à tecnologia, uma vez que o Nordeste possui o menor percentual de domicílios com acesso à internet no país (85,6%) (IBGE, 2024). Tais limitações impactam as condições de aprendizado e evidenciam a necessidade de práticas pedagógicas inovadoras

durante a formação inicial docente, de modo a superar desigualdades regionais e promover inclusão digital (IBGE, 2023).

Participaram desta pesquisa 15 (quinze) licenciandos concluintes do curso de Ciências Biológicas. O número de participantes está relacionado a fatores institucionais e contextuais: no período de execução do estudo havia apenas uma turma que já havia concluído as disciplinas de Biologia Molecular e Genética, o que restringiu naturalmente a população acessível. Além disso, alguns estudantes estavam afastados das atividades acadêmicas por motivos de saúde e dois participantes precisaram ser excluídos por não conseguirem acompanhar integralmente a sequência didática proposta por motivos pessoais.

Apesar do número reduzido, a amostra é representativa do universo de concluintes disponíveis naquele momento e adequada ao caráter exploratório e intervencionista da pesquisa. A seleção ocorreu por adesão voluntária, após a apresentação dos objetivos do estudo e a assinatura do Termo de Consentimento Livre e Esclarecido (TCLE), em conformidade com a Resolução nº 510/2016 do Conselho Nacional de Saúde. Assim, os dados obtidos oferecem subsídios consistentes para refletir sobre o potencial pedagógico da aplicação de ferramentas bioinformáticas na formação inicial de professores.

3.3 Etapas da pesquisa

A pesquisa foi conduzida em quatro etapas principais:

3.3.1 Anamnese diagnóstica

Aplicação de um questionário com perguntas fechadas e abertas para mapear o conhecimento prévio dos participantes sobre conceitos básicos de genética molecular, familiaridade com bancos de dados e softwares bioinformáticos. A linguagem foi acessível, com explicações breves sobre os termos técnicos para evitar ruídos interpretativos.

3.3.2 Aplicação da avaliação inicial (AI)

Um questionário com 19 questões, estruturado em diferentes formatos (múltipla escolha e escala Likert), foi aplicado antes da sequência didática para identificar lacunas cognitivas, percepções e expectativas em relação ao uso de ferramentas digitais para o ensino de genética.

3.3.3 Implementação da sequência didática

Foram realizados quatro encontros, cada um com duração de duas horas. No primeiro, ministraram-se aulas teóricas sobre DNA, abordando sua estrutura, processos de extração e técnicas de sequenciamento, tudo de forma simplificada e objetiva.

No segundo encontro, foi apresentado o destino dos dados obtidos no sequenciamento, destacando seu envio para bancos de dados públicos, como o GenBank. Também foram explicados os princípios do alinhamento de sequências nucleotídicas e a forma de interpretação desses alinhamentos.

No terceiro encontro, os alunos foram instruídos a buscar sequências gênicas no GenBank e a salvá-las no formato FASTA. Nessa ocasião, foi demonstrado o uso dessas sequências no software MEGA. Como exemplo prático, solicitou-se que os alunos baixassem a sequência do gene MC1R — responsável pela produção de melanina — para as espécies *Homo sapiens*, *Mus musculus*, *Pan troglodytes* e *Equus caballus*. Após o download, foi mostrado como inserir os arquivos FASTA no MEGA, realizar o alinhamento e gerar uma árvore filogenética, analisando a proximidade entre as espécies com base no gene MC1R.

No quarto e último encontro, a mesma sequência de atividades foi repetida, agora utilizando o gene PAX6 — amplamente estudado na biologia do desenvolvimento e na genética por seu papel central na formação de órgãos sensoriais, especialmente os olhos. Nesse caso, as espécies analisadas foram *Homo sapiens*, *Mus musculus*, *Drosophila melanogaster* e *Palaemon sp.* Ao final, foi solicitado que os alunos interpretassem a proximidade entre as espécies na árvore filogenética gerada. A atividade foi concluída com uma tarefa domiciliar (exemplo em anexo), permitindo que os participantes explorassem o tema livremente e discutissem posteriormente os resultados obtidos.

3.3.4 Avaliação final (AF) e análise comparativa

Ao final das atividades, foi reaplicado um instrumento com estrutura espelhada a avaliação inicial (AI), ou seja, uma avaliação final (AF), porém com uma questão a mais, Q20, que é subjetiva, a fim de avaliar mudanças na percepção, compreensão e interesse dos participantes. A triangulação entre anamnese, AI e AF foi necessária para fornecer uma base sólida para análise crítica da intervenção.

3.4 Análise dos dados

As respostas às questões fechadas foram analisadas por meio de estatística descritiva simples, com cálculo de frequências e médias. Esse procedimento foi escolhido por permitir uma visão clara e objetiva do desempenho geral dos participantes, possibilitando identificar tendências, padrões de resposta e variações entre a avaliação inicial e final. Além disso, por se tratar de uma pesquisa com número reduzido de participantes e caráter exploratório, a estatística descritiva mostrou-se adequada para sintetizar os dados e fornecer subsídios para a interpretação conjunta com a análise qualitativa. Já as respostas às perguntas abertas foram organizadas em categorias temáticas e analisadas com base na técnica de análise de conteúdo (Bardin, 2016), buscando identificar padrões de discurso, mudanças de percepção e significados atribuídos pelos participantes à experiência formativa vivenciada.

4 RESULTADOS

Os resultados foram organizados de acordo com o tipo de questão aplicada no instrumento de avaliação, o que possibilitou uma apresentação mais clara e estruturada dos dados, diferenciando entre questões objetivas, de múltipla escolha, em escala Likert e discursivas.

No que se refere às questões de múltipla escolha (Q8 a Q12), que são de conhecimentos específicos, observou-se uma variação nas respostas entre os dois momentos AI e AF). A Tabela 1 apresenta a diferença média entre os escores da AF e da AI para cada uma dessas questões. A questão Q8 se destacou com uma diferença média de 0,47, indicando aumento nas respostas mais próximas da correta. Em contrapartida, as questão Q12 não apresentou diferença entre as avaliações inicial e final.

Tabela 1 – Diferença nas Questões de Múltipla Escolha (AF – AI)

Questão	Média (AI)	Média (AF)	Diferença Média (AF - AI)
Q8	0.20	0.67	0.47
Q9	0.60	0.87	0.27
Q10	0.67	0.87	0.20
Q11	0.60	0.87	0.27
Q12	0.93	0.93	0.00

Fonte: Autor (2025)

Além da análise por item, também foi avaliado o total de acertos dos participantes nas questões de múltipla escolha, a partir da correção com base no gabarito. A média de acertos na AI foi de 3.00, enquanto na AF aumentou para 4.20, resultando em um ganho de 1.20 acertos por participante, conforme apresentado na Tabela 2.

Tabela 2 – Total de Acertos em Múltipla Escolha

Momento	Média de Acertos
AI	3.00
AF	4.20
Ganho Médio	1.20

Fonte: Autor (2025)

As questões objetivas Q18 e Q19, que abordavam conhecimentos gerais em formato de resposta fechada (“Sim”, “Não” e “Não sei”), apresentaram poucas variações entre os dois momentos. Para Q18 constatou-se que dos 15 respondentes, 9 não modificaram resposta, 2 mudaram de “Sim” para “Não sei”, e 4 mudaram de “Não sei” para “Sim”. A questão Q19 manteve-se inalterada, ou seja, todos marcaram sim na AI e AF. De forma geral, 8 alunos concordaram que participar das atividades com as ferramentas em questão melhoraram sua compreensão sobre genética molecular.

No conjunto de questões avaliadas por escala Likert (Q1 a Q7 e Q13 a Q17), também foi possível observar mudanças entre a AI e AF. A Tabela 3 apresenta a diferença média das respostas para cada uma dessas questões. A maior diferença foi observada na questão Q4, com um acréscimo médio de 2.20 pontos. É possível observar que todos itens apresentaram variações positivas, o que pode indicar maior concordância com as afirmações propostas após a intervenção.

Tabela 3 – Diferença nas Questões de Escala Likert (AF - AI)

Questão	Diferença Média (AF - AI)
Q1	1.10
Q2	1.00
Q3	0.47
Q4	2.20
Q5	0.07
Q6	1.13
Q7	1.60
Q13	1.87
Q14	2.01
Q15	2.13
Q16	1.73
Q17	1.73

Fonte: Autor (2025)

As respostas à questão subjetiva Q20 da AF revelaram percepções valiosas e complementares aos dados quantitativos. Muitos participantes enfatizaram que “o que mais me

chamou atenção foi essas plataformas que fazem esse cruzamento de dados genéticos e árvores filogenéticas que era algo até hoje desconhecido por mim” e que “foi uma experiência enriquecedora, pois tinha pouco ou quase nenhum conhecimento sobre a bioinformática. Na minha concepção, é uma área essencial para docentes em atuação e em formação”. Outro relato destacou que “esta atividade foi boa porque aprendemos mais sobre genética e dados genéticos, relacionando esses conceitos com a bioinformática, aplicando a teoria e aprendendo novas tecnologias”.

Houve também quem apontasse que “foi uma experiência única, pois obtive conhecimentos que pensei não ser capaz de adquirir sobre genética molecular [...] como sugestão futura, é interessante fazer esse estudo com espécies mais comuns em nosso ecossistema”. A relevância da aplicação prática ficou evidente na fala de um participante que afirmou: “participar dessa pesquisa me fez entender, na prática, como a bioinformática é essencial na Biologia. Aprendi a usar ferramentas como o GenBank e o MEGA para analisar sequências genéticas e construir árvores filogenéticas”. Outro registro ressaltou a importância curricular: “na minha concepção foi uma experiência enriquecedora [...] seria muito útil se fosse ofertada no curso [...] imagina ela ofertada em uma disciplina, seria maravilhoso, pois além do conhecimento adquirido, é uma forma de deixar o ensino mais dinâmico e atraente para o aluno”.

Por fim, uma participante salientou a didática utilizada: “antes de participar, eu não conhecia esses bancos de dados nem sabia como utilizá-los. O que mais me chamou atenção foi a forma clara e acessível como tudo foi explicado, tornando o uso dessas ferramentas algo simples e prático”. Esses relatos reforçam que a intervenção não apenas gerou ganhos conceituais, mas também despertou interesse e motivação para aprofundamento na área, indicando seu potencial de transformação na formação docente.

5 DISCUSSÃO

Os resultados obtidos neste estudo indicam que a aplicação prática de ferramentas bioinformáticas, aliada a bancos de dados genéticos como o GenBank e o software MEGA, contribuiu para ganhos de desempenho e mudanças positivas na percepção dos licenciandos em Ciências Biológicas. O aumento na média geral de acertos nas questões de múltipla escolha, de 3.00 na AI para 4.20 na AF, sugere melhora na compreensão dos conceitos de genética e biologia molecular após a intervenção.

Esses achados estão em consonância com pesquisas anteriores que apontam o potencial da bioinformática para o desenvolvimento de competências investigativas e analíticas. Mello *et al.* (2025) identificam que a inserção de atividades que envolvem análise de dados reais favorece aprendizagens ativas, interdisciplinares e contextualizadas, aproximando os estudantes das práticas científicas contemporâneas. De modo similar, Martins *et al.* (2020) demonstraram que oficinas com uso de GenBank, BLAST e PDB resultaram em maior engajamento e melhor interpretação de dados moleculares por alunos do ensino médio, corroborando a efetividade observada nesta pesquisa.

A melhora expressiva em questões de escala Likert, especialmente em itens que mensuraram a percepção de utilidade das ferramentas (ex.: Q4 com 2.20 pontos), reforça a observação de Sousa *et al.* (2025) de que metodologias participativas e investigativas aumentam o engajamento e a capacidade de articular teoria e prática. Neste estudo, o uso sequencial de busca de sequências, alinhamento múltiplo e construção de árvores filogenéticas proporcionou aos licenciandos a vivência de um ciclo investigativo completo, como sugerido por Ribeiro Júnior *et al.* (2012) para a formação de professores de Ciências Biológicas.

A análise qualitativa das respostas à questão aberta (Q20) permitiu identificar cinco categorias principais, segundo a técnica de análise de conteúdo de Bardin (2016). A categoria *descoberta e interesse pela bioinformática* foi citada por 6 participantes (35%), que afirmaram nunca ter tido contato prévio com ferramentas como GenBank e MEGA, ressaltando o interesse despertado para aprofundar-se na área. A *compreensão conceitual e prática* foi mencionada por 7 participantes (41%), que destacaram a contribuição da experiência para relacionar conteúdos teóricos de genética e evolução à aplicação prática em análises reais.

A *facilidade e clareza no aprendizado* apareceu em 5 respostas (29%), enfatizando que a abordagem didática utilizada facilitou o entendimento e execução das tarefas. Já a *importância curricular e sugestões de inclusão* foi citada por 4 participantes (23%), defendendo que atividades desse tipo deveriam compor a matriz curricular, com maior carga horária e aprofundamento.

Por fim, o *impacto na percepção sobre a genética molecular* foi identificado em 3 respostas (18%), ressaltando a relevância dessas análises para compreender relações evolutivas entre espécies. Esses dados evidenciam que, além dos ganhos conceituais e técnicos medidos

quantitativamente, a intervenção gerou mudanças claras na forma como os licenciandos percebem e valorizam a bioinformática no ensino de Biologia.

Algumas respostas sugeriram a inclusão de conteúdos relacionados à bioinformática de forma permanente na matriz curricular do curso, o que converge com a literatura que defende a incorporação de metodologias ativas e recursos digitais desde a formação inicial (Mello *et al.*, 2025; Ribeiro Júnior *et al.*, 2012; Sousa *et al.*, 2025). Esses depoimentos indicam que a intervenção não apenas promoveu ganhos conceituais, mas também influenciou positivamente a percepção dos futuros docentes sobre a relevância pedagógica e científica da bioinformática, reforçando seu potencial como ferramenta formativa.

O alinhamento dos resultados às diretrizes da BNCC (BRASIL, 2018) e dos PCNs (BRASIL, 2002) é evidente, sobretudo no que se refere ao desenvolvimento do pensamento científico (Competência Geral 2), ao uso crítico e significativo de tecnologias digitais (Competência Geral 5) e à argumentação baseada em dados (Competência Geral 7). A proposta metodológica também dialoga com a perspectiva de contextualização e investigação defendida nos documentos oficiais, oferecendo uma abordagem que integra teoria e prática e fomenta autonomia intelectual.

Outro ponto relevante é que a aplicação de softwares como o MEGA, que requerem a compreensão de alinhamentos múltiplos, escolha de modelos evolutivos e interpretação de árvores filogenéticas, vai ao encontro das recomendações de Tamura, Stecher e Kumar (2021) e Zou *et al.* (2024) quanto ao uso pedagógico dessas ferramentas para compreensão de relações evolutivas. Além disso, a integração com dados do GenBank, cuja magnitude e abrangência são destacadas por Sayers *et al.* (2025) e O’Leary *et al.* (2024), permitiu que os alunos trabalhassem com informações atualizadas e de relevância científica.

Comparando com iniciativas relatadas por Braga *et al.* (2021) e Costa *et al.* (2024), observa-se que, assim como nessas experiências, a intervenção aqui descrita contribuiu para ampliar a familiaridade dos alunos com tecnologias digitais e para fortalecer competências técnicas e pedagógicas. No entanto, enquanto Braga *et al.* focaram em oficinas itinerantes e Costa *et al.* em programação aplicada à biologia molecular, este estudo enfatizou a aplicação direta de ferramentas de análise filogenética, preenchendo uma lacuna prática na formação inicial docente.

Por fim, os resultados reafirmam a importância de superar abordagens meramente técnicas ou conteudistas no ensino de genética, como alertam Lopes e Güllich (2020), incorporando dimensões investigativas, contextuais e interdisciplinares. Essa estratégia não apenas melhora a compreensão conceitual, mas também contribui para que os futuros professores estejam mais bem preparados para integrar metodologias ativas e tecnologias digitais ao ensino.

Assim, embora a intervenção tenha apresentado limitações, como o tempo reduzido e a possibilidade de aprofundamento limitado de alguns tópicos, ela confirma que a bioinformática, quando utilizada de forma prática e guiada, pode ser uma aliada potente no ensino de genética e biologia molecular, alinhando-se às exigências curriculares e às demandas contemporâneas de formação docente.

6 CONSIDERAÇÕES FINAIS

A aplicação prática de ferramentas bioinformáticas no ensino de genética e biologia molecular revelou-se uma estratégia eficaz para ampliar o engajamento, o interesse e a compreensão geral dos licenciandos, contribuindo para o desenvolvimento de competências técnicas, investigativas e pedagógicas essenciais à formação de professores de Ciências Biológicas. A experiência proporcionou aos participantes o contato direto com dados genéticos reais e a execução de análises filogenéticas, favorecendo a integração entre teoria e prática e aproximando-os das metodologias utilizadas na pesquisa científica contemporânea.

Os resultados quantitativos e qualitativos mostraram ganhos importantes na percepção e no entendimento de conceitos-chave. Mesmo assim, a atividade demonstrou potencial formativo, despertando o interesse pela bioinformática e evidenciando sua utilidade no ensino de Biologia. Diante disso, recomenda-se que iniciativas dessa natureza sejam incorporadas de forma planejada e contínua à matriz curricular, com maior carga horária e diversificação de conteúdos, permitindo o aprofundamento conceitual e prático. A consolidação dessa abordagem pode fortalecer a capacidade dos futuros docentes de aliar conhecimento científico, pensamento crítico e inovação pedagógica, tornando o ensino de Ciências mais dinâmico, contextualizado e alinhado às demandas contemporâneas da educação.

REFERÊNCIAS

ADELANA, O. P.; AYANWALE, M. A.; SANUSI, I. T. Exploring pre-service biology teachers' intention to teach genetics using an AI intelligent tutoring-based system. *Cogent Education*, v. 11, n. 1, p. 1–21, 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.1080/2331186X.2024.2310976>. Acesso em: 3 jul. 2025.

ALBERTS, B. *et al.* **Molecular Biology of the Cell**. 7. ed. New York: Garland Science, 2022. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK21054/>. Acesso em: 05 ago. 2025.

BARDIN, L. **Análise de conteúdo**. Tradução de Luís Antero Reto e Augusto Pinheiro. São Paulo: Edições 70, 2016. Disponível em: <https://madmunifacs.files.wordpress.com/2016/08/anc3a1lise-de-contec3bado-laurence-bardin.pdf>. Acesso em: 20 jun. 2025.

BRAGA, M. *et al.* **Bioinformatics on the road: taking training to students and researchers beyond state capitals**. *Frontiers in Education*, Lausanne, v. 6, 2021. Art. 726930. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/feduc.2021.726930/full>. Acesso em: 3 jul. 2025.

BRASIL. **Base Nacional Comum Curricular**. Brasília, DF: Ministério da Educação, 2018. Disponível em: <https://basenacionalcomum.mec.gov.br/>. Acesso em: 11 jun. 2025.

BRASIL. **Base Nacional Comum Curricular**. Brasília: MEC, 2018. Disponível em: <https://basenacionalcomum.mec.gov.br/>. 3 jul. 2025.

BRASIL. Ministério da Integração Nacional. **Portaria nº 115, de 23 de novembro de 2017. Atualiza a lista dos municípios do Semiárido brasileiro**. Disponível em: https://geofp.ibge.gov.br/organizacao_do_territorio/estrutura_territorial/semiarido_brasileiro/Situacao_23nov2017/lista_municipios_Semiario_2017_11_23.pdf. Acesso em: 05 jul. 2025.

BRASIL. **Parâmetros Curriculares Nacionais: Ensino Médio – Ciências da Natureza, Matemática e suas Tecnologias**. Brasília, DF: Ministério da Educação, 2002. Disponível em: <https://portal.mec.gov.br/seb>. Acesso em: 11 jun. 2025.

BRASIL. **Parâmetros Curriculares Nacionais: Ensino Médio – Ciências da Natureza, Matemática e suas Tecnologias**. Brasília: MEC/SEMTEC, 2002. Disponível em: <https://portal.mec.gov.br>. Acesso em: 3 jul. 2025.

CENTERS FOR DISEASE CONTROL AND PREVENTION (CDC). (2022). **Laboratory activity: Understanding the molecular evolution of SARS-CoV-2**.

COLD SPRING HARBOR LABORATORY. **DNA Barcoding 101**. 2024. Disponível em: <https://dnabarcoding101.org/>. Acesso em: 05 ago. 2025.

COSTA, H. L. *et al.* Teaching bioinformatics programming in high school: a case report. In: **BRAZILIAN SYMPOSIUM ON BIOINFORMATICS – BSB 2024**, 20., 2024, Belo Horizonte. *Anais...* Belo Horizonte: Sociedade Brasileira de Bioinformática e Biologia

Computacional, 2024. Disponível em: <https://www.researchgate.net/publication/387870466>. Acesso em: 3 jul. 2025.

FELSENSTEIN, J. *Inferring Phylogenies*. Sunderland: Sinauer Associates, 2004. Disponível em: <https://phylo.org/tools/>. Acesso em: 05 ago. 2025.

GIL, A. C. **Métodos e técnicas de pesquisa social**. 6. ed. São Paulo: Atlas, 2008. Disponível em: <https://ayanrafael.com/wp-content/uploads/2011/08/gil-a-c-mc3a9todos-e-tc3a9cnicas-de-pesquisa-social.pdf>. Acesso em: 24 jun. 2025.

GRIFFITHS, A. J. F. *et al.* **Genética**. 11. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2020.

IBGE. **Internet foi acessada em 72,5 milhões de domicílios do país em 2023**. Agência de Notícias IBGE, Rio de Janeiro, 25 abr. 2024. Disponível em: <https://agenciadenoticias.ibge.gov.br/agencia-noticias/2012-agencia-de-noticias/noticias/41024-internet-foi-acessada-em-72-5-milhoes-de-domicilios-do-pais-em-2023>. Acesso em: 05 jul. 2025.

IBGE. **Síntese de Indicadores Sociais: uma análise das condições de vida da população brasileira: 2023**. Rio de Janeiro: IBGE, 2023. Disponível em: <https://biblioteca.ibge.gov.br/visualizacao/livros/liv101794.pdf>. Acesso em: 05 jul. 2025.

IQBAL, N.; KUMAR, P. **From Data Science to Bioscience: Emerging era of bioinformatics applications, tools and challenges**. *Procedia Computer Science*, v. 218, p. 1516-1528, 2023. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/367595209_From_Data_Science_to_Bioscience_Emerging_era_of_bioinformatics_applications_tools_and_challenges. Acesso em: 05 jul. 2025.

LOPES, B. C. G.; GÜLLICH, R. I. **Enseñanza genética en Brasil: un panorama de concepciones y estrategias didácticas**. *Revista Bio-grafia*, Manizales, v. 13, n. 24, p. 151–166, 2020. Disponível em: <https://revistas.uniminuto.edu/index.php/praxis/article/view/2214/2101>. Acesso em: 3 jul. 2025.

MARCONI, M. A; LAKATOS, E. M.. **Fundamentos de metodologia científica**. 8. ed. São Paulo: Atlas, 2017. Disponível em: https://ia804601.us.archive.org/7/items/Fundamentos_de_metodologia_cientfica_8_ed._www.meulivro.biz/Fundamentos_de_metodologia_cientfica_8_ed._www.meulivro.biz.pdf. Acesso em: 20 jun. 2025.

MARTINS, A. S. *et al.* **Bioinformatics-Based Activities in High School**. *PLoS Computational Biology*, San Francisco, v. 16, n. 1, e1003404, 2020. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7591593/>. Acesso em: 3 jul. 2025.

MEGA SOFTWARE. **MEGA Documentation & Online Manual**. 2024. Disponível em: <https://www.megasoftware.net>. Acesso em: 20 jul. 2025.

MELLO, I. S. *et al.* **The role of bioinformatics in education: a mini review of its applications and challenges**. *Orbital: The Electronic Journal of Chemistry*, v. 17, n. 1, p. 157–163, 2025. Disponível em:

https://www.researchgate.net/publication/391666845_The_Role_of_Bioinformatics_in_Education_A_Mini_Review_of_its_Applications_and_Challenges. Acesso em: 3 jul. 2025.

O'LEARY, N. A. *et al.* **Exploring and retrieving sequence and metadata for species across the tree of life with NCBI Datasets.** *Scientific Data*, v. 11, art. 732, 2024.. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s41597-024-03571-y>. Acesso em: 3 jul. 2025.

RIBEIRO JÚNIOR, H. L.; OLIVEIRA, R. T. G.; CECCATTO, V. M. **Bioinformática como recurso pedagógico para o curso de Ciências Biológicas na Universidade Estadual do Ceará – UECE – Fortaleza, Estado do Ceará.** *Acta Scientiarum. Education*, Maringá, v. 34, n. 1, p. 129-140, jan./jun. 2012. Disponível em: <https://doi.org/10.4025/actascieduc.v34i1.14584>. Acesso em: 3 jul. 2025.

SAYERS, E. W., *et al.* (2025). **GenBank 2025 update.** *Nucleic Acids Research*, 53(D1), D56–D60. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/39558184/>. Acesso em: 3 jul. 2025.

SILVA, R. C. C.; ALVES, M. C. S. **O uso de ferramentas de bioinformática para análise de dados genéticos: uma revisão.** *Revista Brasileira de Bioinformática Aplicada*, v. 10, n. 2, p. 45-60, 2024. Disponível em: <https://sea.ufr.edu.br/SEA/article/view/1872>. Acesso em: 18 jun. 2025.

SOUSA, M. F. de; SANTIAGO, A. S.; ARAÚJO, M. de F. V. **Comparando metodologias ativas e tradicionais no ensino de genética no ensino fundamental.** *Pensar Acadêmico*, Manhauçu, v. 23, n. 1, p. 1–12, 2025. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/390693037_COMPARANDO_METODOLOGIAS_ATIVAS_E_TRADICIONAIS_NO_ENSINO_DE_GENETICA_NO_ENSINO_FUNDAMENTAL. Acesso em: 3 jul. 2025.

TAMURA, K., STECHER, G., KUMAR, S. (2021). **MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11.** *Molecular Biology and Evolution*, 38(7), 3022–3027. Disponível em: <https://academic.oup.com/mbe/article/38/7/3022/6248099>. Acesso em: 20 jul. 2025.

ZOU, Y., *et al.* (2024). **Common methods for phylogenetic tree construction and visualization.** *Genes*, 15(4), 500. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/380587839_Common_Methods_for_Phylogenetic_Tree_Construction_and_Their_Implementation_in_R. Acesso em: 20 jul. 2025.

APÊNDICE A –TCLE

TERMO DE CONSENTIMENTO LIVRE E ESCLARECIDO (TCLE)

Título da pesquisa: Ensino Prático de Genética e Biologia Molecular com Uso de Ferramentas Bioinformáticas: Uma Experiência com Licenciandos em Biologia

Pesquisadora responsável: Antonia Pereira de Sousa Costa

Orientadora: Prof.^a Dr.^a Lilian Rosalina Gomes Silva

Instituição: Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Piauí – Campus Valença

Contato da pesquisadora: [antoniapereira234510@gmail.com / (86) 995797614]

1. Introdução

Você está sendo convidado(a) a participar, de forma voluntária, da pesquisa intitulada “Ensino Prático de Genética e Biologia Molecular com Uso de Ferramentas Bioinformáticas”, desenvolvida como Trabalho de Conclusão de Curso da estudante Antonia Pereira, do curso de Licenciatura em Ciências Biológicas do IFPI – Campus Valença. Caso aceite participar, você poderá desistir a qualquer momento, sem necessidade de justificativa e sem prejuízo algum.

2. Objetivo da Pesquisa

A pesquisa tem como objetivo investigar como o uso prático de ferramentas bioinformáticas (como GenBank e MEGA X) pode contribuir para o aprendizado de genética e biologia molecular, além de desenvolver habilidades técnicas e pedagógicas em estudantes de licenciatura.

3. Procedimentos da Pesquisa

Se você aceitar participar, serão realizadas as seguintes atividades:

- Aplicação de uma anamnese diagnóstica (questionário com perguntas sobre seus conhecimentos prévios);
- Aplicação de uma avaliação inicial (AI);
- Participação em quatro aulas práticas utilizando ferramentas de bioinformática (GenBank e MEGA X);
- Aplicação de uma avaliação final (AF).

Todas as etapas ocorrerão no IFPI – Campus Valença, com acompanhamento da pesquisadora e orientadora.

4. Riscos e Medidas de Prevenção

Os riscos são mínimos e estão relacionados à exposição de possíveis dificuldades técnicas ou conceituais durante a realização das atividades. Caso sinta desconforto, você poderá se retirar da pesquisa a qualquer momento. Nenhuma avaliação individual será realizada.

5. Benefícios da Pesquisa

Ao participar, você terá contato direto com ferramentas utilizadas em pesquisas científicas reais, o que poderá enriquecer sua formação acadêmica, melhorar sua compreensão de conteúdos complexos e contribuir para sua futura prática docente.

6. Confidencialidade e Sigilo

Todos os dados coletados serão tratados com confidencialidade. As informações serão utilizadas exclusivamente para fins acadêmicos, e sua identidade não será divulgada em nenhum momento.

7. Custos e Gratificações

Sua participação não implicará nenhum custo financeiro, e também não haverá qualquer tipo de pagamento ou gratificação pela participação na pesquisa.

8. Esclarecimentos

Se você tiver dúvidas sobre a pesquisa, poderá entrar em contato com a pesquisadora ou orientadora da pesquisa.

9. Consentimento

Declaro que fui informado(a) sobre os objetivos, riscos e benefícios desta pesquisa, que minha participação é voluntária e que posso me retirar a qualquer momento. Concordo em participar das atividades conforme descrito acima.

Valença do Piauí, _____ de _____ de 2025.

Nome do(a) participante: _____

Assinatura do(a) participante: _____

Nome da pesquisadora: _____

Assinatura da pesquisadora: _____

APÊNDICE B –ANAMNESE

NOME COMPLETO:

Este questionário tem o objetivo de conhecer suas experiências prévias com conteúdos e práticas relacionadas à genética molecular e ao uso de ferramentas computacionais. Sempre que citarmos termos técnicos, explicaremos brevemente para facilitar a compreensão e evitar confusões.

Não há respostas certas ou erradas! Sua sinceridade é fundamental.

1. Você considera que compreende bem os conceitos básicos de biologia molecular, como estrutura do DNA, RNA, genes e proteínas?

- ☐ Não conheço nada sobre isso
- ☐ Tenho noção superficial
- ☐ Conheço razoavelmente bem
- ☐ Conheço com profundidade

2. Em sua formação até agora, você já realizou alguma atividade prática envolvendo a manipulação ou análise de sequências genéticas (DNA, RNA ou proteínas)?

- ☐ Sim
- ☐ Não

Se sim, descreva brevemente a atividade:

3. Você conhece ou já ouviu falar sobre bancos de dados genéticos, como o GenBank?

- ☐ Sim
- ☐ Não

4. Já acessou ou baixou sequências genéticas de algum banco de dados?

- ☐ Sim
- ☐ Não

5. Você já utilizou algum software de bioinformática? Se sim, qual(is)?

☐ Sim

☐ Não

6. Você conhece o MEGA X?

☐ Sim

☐ Não

7. Você já teve alguma aula prática utilizando ferramentas computacionais para **realizar alinhamentos ou construir árvores filogenéticas?**

☐ Sim

☐ Não

8. Você considera importante **conhecer formas simples de aplicar conceitos de biologia molecular utilizando ferramentas computacionais básicas?**

☐ Sim

☐ Não

☐ Não sei responder

9. Como você se sente em relação à ideia de utilizar ferramentas computacionais básicas na sua formação?

☐ Muito à vontade

☐ Um pouco inseguro(a)

☐ Muito inseguro(a)

☐ Não me sinto confortável com isso

10. Você acredita que aprender a usar ferramentas bioinformáticas é importante para sua formação como professor de Biologia?

☐ Sim

☐ Não

☐ Não sei responder

APÊNDICE C –AVALIAÇÃO INICIAL (AI) E AVALIAÇÃO FINAL (AF)

Este questionário tem como objetivo avaliar seus conhecimentos, percepções e habilidades relacionados ao uso de ferramentas bioinformáticas aplicadas ao ensino de genética e biologia molecular. As informações coletadas serão utilizadas exclusivamente para fins acadêmicos, no âmbito do Trabalho de Conclusão de Curso da estudante Antonia Pereira, do curso de Licenciatura em Ciências Biológicas.

Sua participação é voluntária e as respostas serão tratadas de forma anônima e confidencial. Não há respostas certas ou erradas nas seções de percepção e autoavaliação — pedimos apenas sinceridade em suas respostas. A duração média para o preenchimento é de aproximadamente 10 minutos.

Ao responder este questionário, você estará contribuindo com uma pesquisa voltada ao aprimoramento da formação docente e ao desenvolvimento de práticas pedagógicas inovadoras.

Agradecemos pela sua colaboração!

Percepções (Escala Likert)

Marque sua opinião em relação às afirmações abaixo:

1. Eu me sinto preparado(a) para trabalhar com conceitos de genética molecular.

- ☐ Discordo totalmente
- ☐ Discordo parcialmente
- ☐ Neutro
- ☐ Concordo parcialmente
- ☐ Concordo totalmente

2. Eu me sinto capaz de interpretar sequências genéticas (DNA ou RNA).

- ☐ Discordo totalmente
- ☐ Discordo parcialmente
- ☐ Neutro
- ☐ Concordo parcialmente
- ☐ Concordo totalmente

3. Ferramentas digitais são importantes para o ensino de genética.

- ☐ Discordo totalmente
- ☐ Discordo parcialmente
- ☐ Neutro
- ☐ Concordo parcialmente
- ☐ Concordo totalmente

4. Sei como bancos de dados genéticos podem ser utilizados no ensino de Biologia.

- ☐ Discordo totalmente
- ☐ Discordo parcialmente
- ☐ Neutro
- ☐ Concordo parcialmente
- ☐ Concordo totalmente

5. Aprender a usar softwares e plataformas digitais no ensino de ciências contribui para minha formação docente.

- ☐ Discordo totalmente
- ☐ Discordo parcialmente
- ☐ Neutro
- ☐ Concordo parcialmente
- ☐ Concordo totalmente

6. Usar bioinformática no ensino de Ciências é aplicável à minha futura prática profissional.

- ☐ Discordo totalmente
- ☐ Discordo parcialmente
- ☐ Neutro
- ☐ Concordo parcialmente
- ☐ Concordo totalmente

7. Consigo visualizar a utilidade da bioinformática para resolver problemas biológicos.

- ☐ Discordo totalmente
- ☐ Discordo parcialmente
- ☐ Neutro
- ☐ Concordo parcialmente
- ☐ Concordo totalmente

Conhecimentos Específicos (Múltipla Escolha)

Marque apenas uma alternativa correta:

8. O GenBank é uma importante ferramenta em estudos de genética e bioinformática. Qual das alternativas descreve corretamente sua principal função?

- a) Fornecer ferramentas de modelagem de proteínas tridimensionais a partir de sequências de RNA
- b) Gerar automaticamente árvores filogenéticas com base em dados morfológicos de organismos
- c) Armazenar e permitir o acesso público a dados de sequências genéticas depositadas por pesquisadores de todo o mundo**
- d) Realizar análise de expressão gênica em tempo real a partir de experimentos laboratoriais

9. Qual é o principal objetivo do alinhamento de sequências genéticas em bioinformática?

- a) Visualizar diferenças estruturais entre proteínas em diferentes organismos
- b) Determinar a sequência de aminoácidos de uma proteína específica
- c) Comparar sequências para identificar similaridades e inferir relações evolutivas**
- d) Suportar a detecção clínica de mutações por meio de softwares especializados

10. Qual é a principal finalidade de uma árvore filogenética em bioinformática?

- a) Representar a quantidade de material genético de diferentes espécies
- b) Organizar dados experimentais de pesquisas laboratoriais
- c) Representar graficamente as relações de ancestralidade entre organismos ou genes**
- d) Prever características genéticas com base em observações morfológicas

11. O que caracteriza o software MEGA X no contexto da bioinformática?

- a) É utilizado para criar modelos tridimensionais de proteínas
- b) Permite o alinhamento de sequências genéticas e construção de árvores filogenéticas**
- c) Analisa expressão gênica por meio de RNA-seq
- d) Processa imagens de microscopia eletrônica para fins diagnósticos

12. O que melhor define o campo da bioinformática?

- a) Um conjunto de métodos estatísticos aplicados à medicina laboratorial
- b) Uma técnica de armazenamento automatizado de dados clínicos

- c) Uma área interdisciplinar que utiliza a computação para análise de dados biológicos**
- d) Uma abordagem pedagógica voltada ao ensino de genética em escolas**

Autoavaliação de Competências Práticas (Escala Likert)

Sobre sua própria percepção de competências, marque a opção que melhor representa seu nível de capacidade:

13. Realizar buscas por sequências genéticas no GenBank.

- ☐ Nada capaz
- ☐ Pouco capaz
- ☐ Razoavelmente capaz
- ☐ Capaz
- ☐ Totalmente capaz

14. Fazer download de sequências genéticas em formatos específicos (FASTA, por exemplo).

- ☐ Nada capaz
- ☐ Pouco capaz
- ☐ Razoavelmente capaz
- ☐ Capaz
- ☐ Totalmente capaz

15. Executar alinhamento de sequências usando o MEGA X.

- ☐ Nada capaz
- ☐ Pouco capaz
- ☐ Razoavelmente capaz
- ☐ Capaz
- ☐ Totalmente capaz

16. Interpretar uma árvore filogenética gerada no MEGA X.

- ☐ Nada capaz
- ☐ Pouco capaz
- ☐ Razoavelmente capaz
- ☐ Capaz
- ☐ Totalmente capaz

17. Explicar a utilidade dos bancos de dados genéticos para o ensino de genética. () Nada capaz

() Pouco capaz

() Razoavelmente capaz

() Capaz

() Totalmente capaz

Avaliação Final de Expectativas (Objetiva)

18. Você acredita que, após participar de atividades com ferramentas como GenBank e MEGA X, sua compreensão sobre genética molecular poderá melhorar?

1.() Sim

2.() Não

3.() Não sei responder

19. Você acredita que atividades práticas com bioinformática são importantes na formação de professores de Biologia?

() Sim

() Não

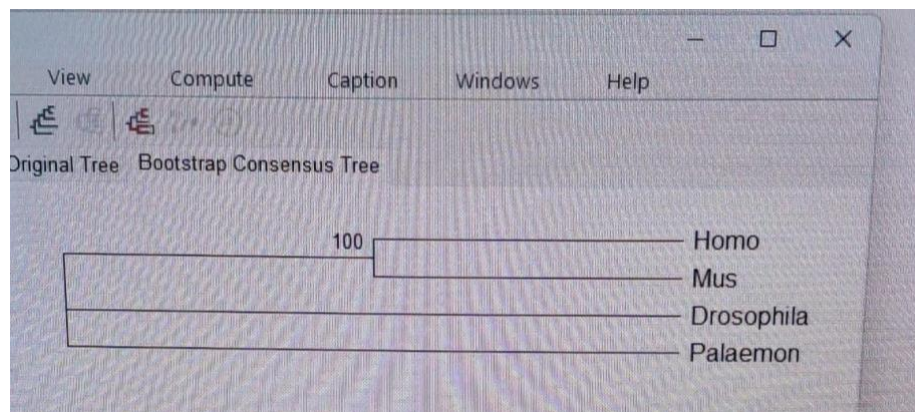
() Não sei responder

20. Por favor, faça um breve relato sobre sua experiência ao participar da minha pesquisa de TCC.

Conte o que mais lhe chamou atenção, suas percepções, aprendizados ou sugestões. Peço que reflita com calma e discorra livremente sobre essa vivência.

ANEXO A –ATIVIDADE DESENVOLVIDA POR UM DOS PARTICIPANTES

Figura 1. Arvore filogenética gerada por dos participantes no software MEGA



Aluno: A.S.S

Grupo	Tipo de Grupo	Justificativa
<i>Homo + Mus</i>	Monofilético	Mesmo ancestral comum e todos os descendentes
<i>Homo + Mus + Drosophila</i>	Parafilético	Exclui um descendente do ancestral comum (Palaemon)
<i>Homo + Drosophila</i>	Polifilético	Sem ancestral comum exclusivo

Homo + Mus formam um grupo **monofilético**, também chamado de clado.

Por que é monofilético?

Porque inclui um ancestral comum e todos os seus descendentes.

Esse grupo representa um ramo natural da árvore da vida.

Se considerarmos um grupo composto por *Homo*, *Mus* e *Drosophila*, isso seria um grupo **parafilético**.

Por que é parafilético?

Porque exclui um descendente (no caso, *Palaemon*) que compartilha um ancestral comum mais antigo com os demais.

A *Drosophila* está mais distante de *Homo* e *Mus*, mas ainda está mais próxima deles do que de *Palaemon*.

Um grupo como *Homo* + *Drosophila* ou *Homo* + *Palaemon* seria **polifilético**.

Por que é polifilético?

Porque não compartilham um ancestral comum exclusivo dentro do grupo selecionado.

São agrupados com base em semelhanças convergentes ou superficiais, e não por ancestralidade direta.

AGRADECIMENTOS

Em primeiro lugar, agradeço a Deus, pela força e oportunidade de chegar até aqui.

À minha família, pelo amor incondicional, apoio constante e incentivo em todos os momentos da minha caminhada. Sem vocês, nada disso seria possível.

Aos professores do IFPI, que contribuíram de forma significativa para a minha formação acadêmica, compartilhando conhecimento, dedicação e inspiração. Aos demais servidores da instituição, que com seu trabalho diário também foram fundamentais nesse percurso.

Em especial, agradeço à minha professora e orientadora [Lilian Rosalina Gomes], pela paciência, dedicação e por acreditar no meu potencial. Sua orientação foi fundamental para a realização deste trabalho e para o meu crescimento acadêmico e pessoal.

Por fim, agradeço a todos que, de alguma forma, contribuíram para minha trajetória e para que esta conquista se tornasse realidade.