

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA MARIA
CENTRO DE CIÊNCIAS NATURAIS E EXATAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM EDUCAÇÃO EM CIÊNCIAS:
QUÍMICA DA VIDA E SAÚDE**

**DO GENE À PROTEÍNA: EXPLORANDO O GENBANK
COM ALUNOS DO ENSINO MÉDIO**

TESE DE DOUTORADO

Rosane Teresinha Nascimento da Rosa

Santa Maria, RS, Brasil

2011

**DO GENE À PROTEÍNA: EXPLORANDO O GENBANK COM
ALUNOS DO ENSINO MÉDIO**

Rosane Teresinha Nascimento da Rosa

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Educação em Ciências: Química da Vida e Saúde da Universidade Federal de Santa Maria-RS como requisito parcial para obtenção do título de
Doutor em Educação em Ciências

Orientador: Prof. Dr. Élgion Lúcio da Silva Loreto

Santa Maria, RS, Brasil

2011

R788d Rosa, Rosane Teresinha Nascimento da
Do gene à proteína : explorando o GenBank com alunos do ensino médio / por
Rosane Teresinha Nascimento da Rosa. – 2011.
168 f. ; il. ; 30 cm

Orientador: Élgion Lúcio da Silva Loreto
Tese (doutorado) – Universidade Federal de Santa Maria, Centro de Ciências
Naturais e Exatas, Programa de Pós-Graduação em Educação em Ciências :
Química da Vida e Saúde, RS, 2011

1. Ensino de biologia 2. Ensino médio 3. Bioinformática 4. GenBank
5. Mapas conceituais 6. Gene 7. Proteínas I. Loreto, Élgion Lúcio da Silva
II. Título.

CDU 57:373.51

Ficha catalográfica elaborada por Cláudia Terezinha Branco Gallotti – CRB 10/1109
Biblioteca Central UFSM

**Universidade Federal de Santa Maria
Centro de Ciências Naturais E Exatas
Programa de Pós-Graduação em Educação em Ciências:
Química da Vida e Saúde**

A comissão examinadora, abaixo assinada,
aprova a Tese de Doutorado

**DO GENE À PROTEÍNA: EXPLORANDO O GENBANK COM
ALUNOS DO ENSINO MÉDIO**

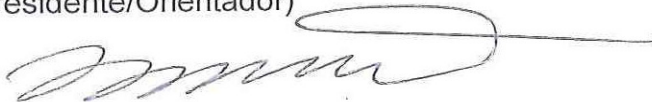
Como requisito parcial para a obtenção do título de
Doutor em Educação em Ciências

Elaborada por
Rosane Teresinha Nascimento da Rosa

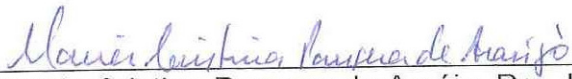
COMISSÃO EXAMINADORA



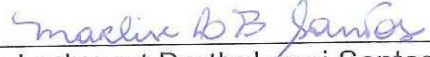
Elgion Lúcio da Silva Loreto, Dr. UFSM.
(Presidente/Orientador)



Luiz Caldeira Brant de Tolentino Neto, Dr. UFSM
Membro



Maria Cristina Pansera de Araújo, Dra. UNIUI
Membro



Marlise Ladvocat Bartholomei Santos, Dra. UFSM
Membro



Félix Alexandre Antunes Soares, Dr. UFSM
Membro

Santa Maria, 07 de junho de 2011

Aos meus pais,
Valtenor (*in memoriam*) e Therezinha,
por me acompanharem sempre com carinho e dedicação.
Em especial à minha mãe que me ensinou as primeiras letras.

AGRADECIMENTOS

A Deus, energia maior que guia minha jornada terrena.

Ao Élgion, pela orientação e presença no meu aprendizado.

À Lenira, pela receptividade, amizade e trocas de ideias durante o curso.

À Mary Angela, minha grande amiga, fundamental na minha caminhada e reflexão como educadora.

À equipe do Labdros, principalmente à bióloga Lisandra, pela disponibilidade.

Aos amigos Carla Perdozo , Genira, Iara e Diomar pelo apoio técnico.

Ao Comando do Colégio Militar de Santa Maria (CMSM), na figura de seus diretores, por me possibilitarem a qualificação profissional.

Aos meus amigos e colegas do CMSM, especialmente os da Seção C.

Aos alunos que participaram deste trabalho.

Em especial ao meu esposo, Gilnei, pela paciência e aos meus amados filhos, Gianne e Guilherme como estímulo a prosseguirem em seus projetos de vida.

RESUMO

Tese de Doutorado
Programa de Pós-Graduação em Educação em Ciências:
Química da Vida e Saúde
Universidade Federal de Santa Maria

DO GENE À PROTEÍNA: EXPLORANDO O GenBank COM ALUNOS DO ENSINO MÉDIO

AUTORA: ROSANE TERESINHA NASCIMENTO DA ROSA
ORIENTADOR: PROF. DR. ÉLGION LÚCIO DA SILVA LORETO
DATA E LOCAL DA DEFESA: SANTA MARIA, 07 DE JUNHO DE 2011.

Este estudo relata a aplicação da Unidade Didática (UD): “Explorando o GenBank com alunos do ensino médio,” a qual envolveu 20 horas/aula com um grupo de 06 alunos voluntários do 2º ano do ensino médio do Colégio Militar de Santa Maria - CMSM/RS, durante o 2º semestre de 2009. A referida UD foi desenvolvida no contraturno das atividades escolares dos alunos envolvidos na pesquisa. A UD foi estruturada segundo os Três Momentos Pedagógicos propostos por Delizoicov e Angotti (1994), a saber: Problematização Inicial (PI), Organização do Conhecimento (OC) e Aplicação do conhecimento (AC). A UD constava de aulas teóricas e práticas sobre proteínas e síntese de proteínas e acesso orientado ao NCBI (National Center Biotechnology Information), utilizando os links OMIM e Entrez Gene. A finalidade desta UD era identificar se os alunos compreendiam melhor a relação DNA-RNA-proteína, utilizando as ferramentas do NCBI já citadas anteriormente. Para avaliar esse entendimento dos alunos utilizamos mapas conceituais baseados na tabela de pontuação proposta por Novak e Gowin (1996), assim como entrevistas individuais e análise de testes aplicados aos mesmos. O mapa conceitual de referência tinha 52 pontos; 02 alunos obtiveram 41 e um aluno 26 pontos. Na análise quantitativa e na qualitativa foi possível identificar um avanço significativo nas relações conceituais desses alunos sobre síntese de proteínas. Os dados sugerem que o acesso ao GenBank, utilizado como estratégia didática dentro da UD, possibilitou este avanço. Identificam-se nas entrevistas com os alunos, dificuldades em relação ao domínio da língua inglesa, que foram superadas com o uso dos tradutores online aliado às aulas proporcionadas pelo colégio. Ainda, avaliaram positivamente a possibilidade de conhecerem novas tecnologias. Nos pós-teste foi evidenciado um progresso nos escores de acertos sobre os assuntos proteínas e síntese de proteínas. Finalmente, pode-se inferir que, para este pequeno grupo que vivenciou esta experiência, a mesma se revestiu de significado.

Palavras-chave: Ensino médio, Ensino de Biologia, Bioinformática, GenBank, mapas conceituais, Gene, Proteínas.

ABSTRACT

Doctoral Thesis
Graduate Program in Science Education
Life and Health Chemistry
Federal University of Santa Maria

GENE TO PROTEIN: EXPLORING THE GenBank WITH HIGH SCHOOL STUDENTS

AUTHOR: ROSANE TERESINHA NASCIMENTO DA ROSA
ADVISOR: PROF. DR. ÉLGION LÚCIO DA SILVA LORETO
DATE AND PLACE OF PRESENTATION: SANTA MARIA, JUNE 07TH, 2011.

This study reports on the use of the Didactic Unit (DU): Exploring the GenBank with high school students, which involved 20 school hours with a group of 06 volunteer students from the 2nd year of high school at the Military School of Santa Maria - CSM/RS, during the 2nd semester of 2009. The aforementioned Didactic Unit was developed in the afternoon, whereas the regular school classes took place in the morning period. The DU was structured according to the Three Pedagogic Moments (3PM) proposed by Delizoicov and Angotti (1994), that is: Initial Problematization (IP), Knowledge Organization (KO) and Knowledge Application (KA). The DU included theoretical and practical classes on proteins and protein synthesis and monitored access to the NCBI (National Center Biotechnology Information), using the links OMIM and Entrez Gene. The aim of this DU was to identify whether students achieved better understanding of the relation DNA-RNA-protein, using the NCBI tools aforementioned. In order to evaluate the students' performance, conceptual maps based on the score table proposed by Novak and Gowin (1996) were used, as well as individual interviews and analysis of the tests given to the students. The reference conceptual map had 52 points; two students scored 41 and one student scored 26 points, respectively. In the quantitative and the qualitative analyses, it was possible to identify a significant improvement in the conceptual relations of these students about the protein synthesis. The data suggests that the access to the GenBank, which was used as a didactic strategy in the Unit, afforded this improvement. In the students' interviews, difficulties concerning the fluency in English were mentioned, which were overcome by using online translators, associated to the English classes that the students have in the Military School. Also, students evaluated positively the opportunity for learning to use new technologies. In the post-test, it was verified an improvement in the scores related to protein and protein synthesis. Finally, it can be inferred that for the small group of students who participated in this study, the experience was of a great value.

Key words: High school, Biology teaching, Bioinformatics, GenBank, Conceptual Maps, Gene, Protein.

LISTA DE FIGURAS

Figura 01 –	Representação esquemática dos subsunçores.....	45
Figura 02 –	Assimilação ou Ancoragem segundo Ausubel.....	45
Figura 03 –	Esquema dos mapas interativos.....	50
Figura 04 –	Modelo de mapeamento conceitual segundo a ideia de Ausubel.....	54
Figura 05 –	Esquema de um exemplo de mapa conceitual para a pontuação.....	57
Figura 06 –	Mapa de referência elaborado para o modelo DNA-RNA-proteínas.....	69
Figura 07 –	Categorização das respostas referentes a questão 2 do teste I: qual a importância das proteínas?.....	85
Figura 08 –	Categorização das respostas referentes a questão 3 do teste I: como é gerada a diversidade dos seres vivos?.....	86
Figura 09 –	Categorização das respostas referentes a questão 4 do teste I: Por que é possível determinar que uma mesma proteína pertence a espécies diferentes?.....	87
Figura 10 –	Categorização das respostas referentes a questão 2 do teste II: Em que lugar acredita que estejam guardadas as informações do Projeto Genoma Humano?.....	89
Figura 11 –	Categorização das respostas referentes a questão 3 do teste II: Qual das alternativas melhor define um gene?.....	90
Figura 12 –	Categorização das respostas referente a questão 4 do teste II: Qual o polinucleotídeo que possui a informação para a proteína a ser formada na tradução gênica?.....	91
Figura 13 –	Categorização das respostas referentes a questão 1a do teste III: Montagem de um esquema simples formado por setas e palavras demonstrando como a partir de uma sequência de DNA se obtém uma proteína.....	92
Figura 14 –	Categorização das respostas referentes a questão 2.a do teste III: Quantos nucleotídeos são necessários para codificar as sequências de aminoácidos nas espécies 1 e 2? Justifique.....	93

Figura 15 –	Categorização das respostas referentes a questão 2.b do teste III: Pode-se dizer que as sequências idênticas de aminoácidos são sempre codificadas por sequências idênticas de nucleotídeos? Justifique.....	94
Figura 16 –	Categorização das respostas referentes ao teste IV: Para você, qual o significado dessa ilustração?.....	95
Figura 17 –	Categorização das respostas referentes ao teste V: O que seria o gene LIMD1 e onde poderíamos encontrá-lo?.....	96
Figura 18 –	Categorização das respostas referentes a questão a do teste VI: Como é feita a seleção de genes pelos geneticistas?.....	98
Figura 19 –	Categorização das respostas referentes a questão b do teste VI: Como e onde se localiza o gene BRCA1?.....	99
Figura 20 –	Categorização das respostas referentes a questão c do teste VI: Onde obteve informações sobre o Projeto Genoma Humano?.....	100

LISTA DE TABELAS

Tabela 01 – Pontuação do Mapa Conceitual de Referência (MCR) de acordo com a figura 2.....	69
Tabela 02 – Categorias retiradas do Mapa Conceitual de Referência.....	70
Tabela 03 – Pontuação dos mapas elaborados pelos 06 alunos nos pós-testes.....	82
Tabela 04 – Categorização das respostas referentes a questão 5 do teste I.Explique e exemplifique o que são estruturas primárias, secundárias, terciárias e quaternárias ?.....	88

LISTA DE QUADROS

Quadro 01 – Pontuação para mapas conceituais.....	56
Quadro 02 – Cronograma dos eventos e planejamentos instrucionais da Unidade Didática.....	62

LISTA DE ANEXOS

Anexo A – Termo de Consentimento Livre e Esclarecido	123
Anexo B – Termo de Confidencialidade	126
Anexo C – Folder montado pelo aluno 4.....	127
Anexo D – Teste I - As Proteínas.....	130
Anexo E – Teste II – Reconhecendo genes, DNA e síntese de proteínas.....	131
Anexo F – Teste III - Síntese de proteínas.....	132
Anexo G – Teste IV - Identificação de um gene.....	133
Anexo H – Teste V - Encontrando o gene LIMD1	134
Anexo I – Teste VI – Reconhecendo o gene BRCA1 e o PGH.....	135

LISTA DE APÊNDICES

Apêndice A – Correspondência enviada ao Colégio Militar de Santa Maria..	137
Apêndice B – Relato das entrevistas no coletivo dos alunos após o desenvolvimento da UD.....	138
Apêndice C – Transcrição das respostas individuais dos alunos que participaram da UD.....	140
Apêndice D – Artigo 01 - Utilizando o GenBank como integrador de conceitos de Biologia Molecular.....	145
Apêndice E – Artigo 02 – Análise, através de mapas conceituais, da compreensão de alunos do ensino médio sobre a relação DNA-RNA-Proteínas após o acesso ao GenBank.....	151

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

3 MP	Três Momentos Pedagógicos
AC	Aplicação do Conhecimento
BRCA1	Breast câncer 1, early onset
DNA	Ácido desoxirribonucleico
ENTREZ GENE	Esta ferramenta da Bioinformática possibilita organizar as informações sobre os genes. Cada gene conhecido recebe um único número identificador, o Gene ID (como se fosse a “carteira de identidade” do gene).
EPEB	Encontro Perspectivas de Ensino de Biologia
GenBank	Banco de dados de sequências de DNA e proteínas, mantido pelo NCBI.
HLA-B 27	Major histocompatibility complex, class I,B
LIMD1	Lim domain containing 1
NCBI	National Center for Biotechnology Information (Centro Nacional para Informação Biotecnológica) é um órgão mantido pelo NIH (Institutos Nacionais de Saúde) dos Estados Unidos.
NOMENCLATURE	Tem como principal objetivo, hoje, nomear os genes apresentados pelo Projeto Genoma Humano (PGH).
OC	Organização do Conhecimento
OMIM	Online Mendelian Inheritance in Man (Herança Mendeliana no Homem Online). É um compêndio abrangente e fidedigno dos genes humanos e de seus fenótipos genéticos.
PCNEM	Parâmetros Curriculares Nacionais do Ensino Médio
PI	Problematização Inicial
PROTEIN	Sequências das proteínas obtidas a partir das espécies pesquisadas e catalogadas no NCBI.
RefSeq	Sequências de referências. Encontra-se neste link, Entrez Nucleotide, os nucleotídeos que formam o gene pesquisado.
RNA	Ácido ribonucleico
UD	Unidade Didática
USP	Universidade de São Paulo

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO/JUSTIFICATIVA	17
1.1 O problema	21
1.2 Objetivos	21
1.2.1 Objetivo geral.....	21
1.2.2 Objetivos específicos.....	21
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	23
2.1 O Ensino de Biologia e a Biologia Molecular	23
2.2 A Bioinformática	26
2.2.1 Os bancos de dados genéticos.....	26
2.2.2 A Bioinformática e a Biologia Molecular.....	28
2.3 A Estrutura da Unidade Didática (UD) utilizando os Três Momentos Pedagógicos (3MP)	30
2.3.1 A origem dos Três Momentos Pedagógicos (3MP).....	30
2.3.2 As práticas educativas freirianas: gênese dos 3MP.....	31
2.3.3 A UD: Do gene à proteína: explorando o GenBank.....	32
2.4 Ideias prévias e mudança conceitual dos alunos	35
2.4.1 Mudança conceitual.....	38
2.5 A teoria de aprendizagem de David Ausubel	41
2.5.1 Características dos subsunçores propostos por Ausubel.....	43
2.5.2 Assimilação, diferenciação progressiva e reconciliação integrativa.....	44
2.5.3 O processo instrucional segundo os pressupostos teóricos de Ausubel.....	47
2.5.4 Hierarquias conceituais.....	49
2.6 Os mapas conceituais	50
2.6.1 Origem e conceituação dos mapas conceituais ou cognitivos.....	51
2.6.2 Utilidade dos mapas conceituais e regras para sua confecção.....	52
2.6.3 Tipos de mapas conceituais.....	53
2.6.4 O uso dos mapas conceituais como instrumento de avaliação.....	55
3 METODOLOGIA	58
3.1 Abordagem qualitativa da pesquisa	58
3.1.1 Estrutura da Unidade Didática	58

3.1.2 Cronograma da UD = Dos genes às proteínas: explorando o GenBank com alunos do ensino médio.....	62
3.1.3 Procedimentos e instrumentos de coleta de dados.....	63
3.1.3.1 <i>Entrevista semiestruturada</i>	63
3.1.3.2 <i>Pré-testes e pós-testes</i>	64
3.1.3.3 <i>Mapas conceituais</i>	65
3.2 Análise dos dados	66
3.3 Procedimento de coleta e análise de dados	67
3.4 Apresentando o grupo de estudo e as etapas da coleta dos dados	68
3.5 Etapas da coleta e análise dos dados	68
3.5.1 Primeira etapa: mapas conceituais.....	68
3.5.2 Segunda etapa: pré e pós-testes.....	70
3.5.3 Terceira etapa: Análise das entrevistas dos alunos.....	71
4 ANÁLISE E DISCUSSÃO DOS DADOS	72
4.1 A análise dos mapas conceituais	72
4.1.1 Conclusões sobre os resultados dos mapas conceituais elaborados pelos alunos	82
4.1.2 Análise das respostas nos pré e pós-teste.....	84
4.1.2.1 <i>Teste I - Proteínas (Anexo D)</i>	84
4.1.2.2 <i>Teste II - Reconhecendo genes, DNA e síntese de proteínas (Anexo E)</i>	88
4.1.2.3 <i>Teste III - Síntese de proteínas (Anexo F)</i>	92
4.1.2.4 <i>Teste IV - Identificação de um gene (Anexo G)</i>	95
4.1.2.5 <i>Teste V - Encontrando o gene LIMD1 (Anexo H)</i>	96
4.1.2.6 <i>Teste VI - Reconhecendo o gene BRCA1 e PGH (Anexo I)</i>	98
4.1.3 Conclusões gerais dos testes	100
4.1.4 Análise das respostas dos alunos na entrevista coletiva.....	102
4.1.5 Conclusões sobre a entrevista coletiva	103
4.1.6 Análise das entrevistas individuais.....	103
4.1.7 Conclusões sobre as entrevistas individuais	107
CONCLUSÕES	109
PERSPECTIVAS	113
REFERÊNCIAS	114

ANEXOS	121
APÊNDICES	135
Artigo 01 - Utilizando o GenBank como integrador de conceitos de Biologia Molecular.....	144
Artigo 02 - Análise, através de mapas conceituais, da compreensão de alunos do ensino médio sobre a relação DNA-RNA-Proteínas após o acesso ao GenBank.....	150

1 INTRODUÇÃO/JUSTIFICATIVA

A tese, aqui apresentada, é fruto de uma pesquisa desenvolvida no âmbito do Clube de Ciências do CMSM - Colégio Militar de Santa Maria/RS.

O Colégio Militar de Santa Maria (CMSM) integra o Sistema Colégio Militar do Brasil (SCMB), um dos subsistemas do sistema de ensino do exército brasileiro. O CMSM foi criado em 1994, sendo o estabelecimento de ensino mais novo do SCMB que compreende um total de 12 (doze) Colégios Militares.

A missão do CMSM é ministrar o ensino preparatório e assistencial de nível fundamental (do 6º ao 9º ano) e médio (do 1º ao 3º ano), qualificados na lei de Diretrizes e Bases da Educação Nacional (LDBEN) como Educação Básica.

O Colégio Militar de Santa Maria subordina-se, também, à Lei de Ensino do Exército (LEE - Lei nº. 9.786, de 08 de Fev. 99) e seu regulamento, e a outros regulamentos, normas e portarias. As presentes normas consolidam os diferentes aspectos contidos na legislação de ensino, que condicionarão o planejamento e a gestão do CMSM. Tem por finalidades (Projeto Político Pedagógico/CMSM, 2011):

- 1) Ministrar o ensino preparatório e assistencial conforme prevê o Art. 7º da Lei nº. 9.786, o Art. 7º do Decreto nº 3.182 e o parágrafo 2º do Art. 2º do regulamento dos Colégios Militares (R-69).
- 2) Promover a formação integral dos jovens de acordo e as tradições do Exército Brasileiro.
- 3) Privilegiar e prover as condições necessárias ao desenvolvimento dos objetivos educacionais da área afetiva, principalmente: patriotismo, civismo, responsabilidade, lealdade, disciplina, cooperação, criatividade, iniciativa, ética e comprometimento com a Instituição.

E, mais especificamente, este estudo refere-se à estruturação de uma Unidade Didática (UD) a qual recebeu o título “Do gene à proteína: explorando o GenBank”. Essa UD foi implementada com um grupo de seis alunos voluntários do 2º ano do ensino médio do referido Colégio. O grupo de alunos voluntários cursavam, durante o ano de 2009, o 2º ano do ensino médio na parte da manhã, sendo o mesmo composto por seis (6) alunos na faixa etária de 14 a 16 anos, sendo cinco (5) do sexo feminino e um (1) masculino.

Para elaboração da UD recorreu-se aos Três Momentos Pedagógicos (3MP), os quais, segundo Delizoicov e Angotti (1994) são: Problematização Inicial (PI), Organização do Conhecimento (OC) e Aplicação do Conhecimento (AC). A opção por essa dinâmica de trabalho foi motivada por experiência anterior no projeto “Articulando formação inicial e formação continuada”¹ e participação no NEC (Núcleo de Educação em Ciências)² nos anos de 1995 e 1999. Já a escolha do tema está alicerçada na prática de mais de 20 anos de docência no ensino médio, brotando daí a pretensão de se elaborar propostas alternativas para o ensino de síntese de proteínas.

Nesse sentido, os Parâmetros Curriculares Nacionais do Ensino Médio - os PCNEM (BRASIL, 2002) sugerem mudanças sintonizadas com a Lei de Diretrizes e Bases (BRASIL, 1996), enfocando visões mais atualizadas da Biologia, especificamente no tocante à Genética. Segundo esses documentos, dois (diversidade da vida e transmissão da vida, ética e manipulação gênica) dos seis³ novos temas que estruturam a disciplina de Biologia relacionam-se aos estudos e à aplicabilidade de novas tecnologias associadas ao DNA.

Na mesma direção, uma das mais espetaculares conquistas científicas de todos os tempos foi o sequenciamento completo do genoma humano, obtido em 2003, ao cabo de um esforço coletivo de pesquisadores americanos, ingleses, canadenses e neozelandeses (CARELLI, 2009). Esse evento é uma demonstração de como a ciência tem avançado na área de Genética. Estas informações, entre outras sobre ciências, são divulgadas nos meios de comunicação. Entretanto, muitas estão contextualizadas em eventos de vida cotidiana, nesse sentido, a alfabetização científica assume um papel significativo no processo de ensino aprendizagem.

Alguns exemplos desse potencial de pesquisa amplamente difundido podem ser encontrados em impressos de grande circulação. O Jornal *A Razão*, de Santa Maria (RS), na data de 06/07 de dezembro de 2008, traz uma reportagem sobre o

¹ Projeto realizado no ano de 2004, registrado no gabinete de projetos do Centro de Educação da UFSM/RS sob o nº 015680, no âmbito deste projeto, a pesquisa: Trabalhando o Reino *Plantae* através de módulos didáticos.

² O NEC do CE da UFSM/RS trabalhava seus projetos num viés temático e de educação problematizadora.

³ Temas estruturadores: 1 - interação entre os seres vivos; 2 - qualidade de vida das populações humanas; 3 - identidade dos seres vivos; 4 - diversidade da vida; 5 - transmissão da vida, ética e manipulação gênica; 6 - origem e evolução da vida.

descobrimto de um novo gene para o câncer de pulmão, o LIMD1.⁴ Entretanto, a mídia nem sempre utiliza os termos apropriados em relação aos conceitos científicos, pois não existe um gene para câncer, vários fatores implicam no surgimento desta patologia. Também o *Diário de Santa Maria* (RS), Jornal de circulação regional, em 02 de fevereiro de 2009, na página 02, anunciou o nascimento de uma menina, em Londres, selecionada geneticamente para não carregar a versão alterada do gene BRCA1.⁵

Exemplos semelhantes encontram-se na *Revista VEJA* de 22 de abril de 2009, a qual traz uma reportagem intitulada “Genética não é espelho”, sugerindo que hábitos e estilo de vida mudam o comportamento dos genes e, em outra reportagem, “Um gene, várias doenças”, onde pesquisadores apontam que inúmeras patologias possuem as mesmas bases genéticas. Nesta reportagem, é dado como exemplo o gene HLA-B27.⁶

Nesse cenário, indagações poderão surgir entre os leitores desses jornais e periódico. Perguntas como: o que significa LIMD1, BRCA1, HLA-B 27? Onde encontro informações sobre eles?

Responde-se a essas possíveis dúvidas assegurando-se que a identificação dos genes por meio de nomenclatura específica facilita a comunicação entre os membros da comunidade científica. A nomeação dos genes se deu a partir do PGH.⁷ Em decorrência desse projeto foi necessária a construção de bancos de dados mais robustos para abrigar a explosão de sequências de nucleotídeos obtidas pelos pesquisadores. O NCBI (National Center for Biotechnology Information), por exemplo, foi criado pelo NIH (National Institutes of Health) em 1988 para abrigar esse tipo de informação que pode ser acessado no *site* <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>.

Dessa forma, o NCBI, que é parte do GenBank, representa uma alternativa de consulta para os usuários que procuram informações sobre determinado gene, para os médicos que buscam fundamentação para seus diagnósticos e, também, para

⁴ LIMD1- Lim domain - containing protein 1 gene que apresenta uma possível função na supressão de tumores detectados em carcinomas de pulmão.

⁵ Breast câncer 1, early onset é um gene humano que pertence à classe dos genes conhecidos como supressores de tumor. Algumas variações do BRCA1 levam ao risco do câncer de mama.

⁶ HLA-B27 - gene que deflagra a artrite reumatóide, também estando associado à eficácia da resposta imunológica do organismo no caso do HIV.

⁷ PGH - Projeto Genoma Humano - Após a iniciativa dos Institutos Nacionais de Saúde (NIH) centenas de laboratórios de todo o mundo se uniram na tarefa de sequenciar um a um os genes que codificam as proteínas do corpo humano e também aquelas sequências de DNA que não são genes. Em 14 de abril de 2003 foi anunciada a conclusão do projeto.

responder à questionamentos pessoais ou simplesmente na investigação de determinada condição genética.

A partir dos exemplos mencionados, nos parágrafos anteriores, a respeito da forma da divulgação pública das pesquisas científicas sobre os genes, justifica-se a necessidade de mecanismos que conduzam os indivíduos a um maior grau de compreensão sobre o assunto. Logo, justifica-se a escolha do conteúdo sobre síntese proteica na presente pesquisa, em razão do mesmo ser de fundamental importância para o entendimento dos genes e de temas correlatos. Deste modo, desenvolveu-se neste trabalho uma Unidade Didática (UD) com duração de vinte (20) horas/aula presenciais. Nesta UD, foram tratados teoricamente os assuntos DNA, RNA, proteínas e síntese de proteínas. Concomitantemente, foram realizadas atividades práticas no laboratório de informática do CMSM, proporcionando aos sujeitos da pesquisa, os seis (6) alunos voluntários do 2º ano do Ensino Médio do referido Colégio, a experiência do acesso ao GenBank.

Nesse sentido, a UD foi estruturada de acordo com os 3MP. Assim, na PI, utilizaram-se mapas conceituais e pré-teste com temáticas pertinentes aos assuntos abordados. Na OC, foram abordados os assuntos proteínas e síntese de proteínas por meio de atividades práticas com a utilização de recursos como miçangas e cartolinas, além de aulas teóricas relativas aos conteúdos citados. Além disso, foi implantado um roteiro prévio de como acessar o NCBI. O tema integrador escolhido foi o hormônio do crescimento, utilizado, tanto na síntese de proteínas, como na representação das proteínas. Na AC, utilizou-se novamente os pós-testes e os mapas conceituais assim como a projeção de um filme abordando as dificuldades enfrentadas por uma família com relação ao hormônio do crescimento. Os sujeitos da pesquisa deviam procurar no GenBank o tipo de nanismo que a família era portadora, registrar suas conclusões e enviar para o endereço eletrônico da pesquisadora.

Nesta pesquisa, apresenta-se a teoria estudada, bem como a prática construída no decorrer desse trabalho que resultou na tese intitulada “Do gene à proteína: explorando o GenBank com alunos do ensino médio”.

1.1 O problema

Quais as possibilidades e limites da utilização do GenBank, como estratégia didática para o ensino integrado dos conceitos de DNA, GENE e PROTEÍNA aos alunos do ensino médio?

Assim, a partir desse problema têm-se as seguintes questões norteadoras:

- Quais as concepções dos alunos sobre genes, síntese de proteínas e proteínas?
- Qual o nível de informação dos alunos sobre bioinformática e os termos correlatos desta área?
- Quais as dificuldades apresentadas pelos alunos ao acessarem o *site* do NCBI, GenBank?
- Quais as possíveis integrações entre os conceitos de DNA, GENE e PROTEÍNA apontadas pelos alunos ao utilizarem as ferramentas do GenBank?

1.2 Objetivos

1.2.1 Objetivo geral

Verificar as possibilidades e os limites do uso do Genbank (NCBI) como meio auxiliar para a conexão dos assuntos genes/proteínas/síntese de proteínas, contidos no programa da disciplina de Biologia para o ensino médio.

1.2.2 Objetivos específicos

- Realizar um levantamento das concepções dos alunos sobre genes, DNA, proteínas e síntese de proteínas;

- Elaborar planejamentos didáticos estruturados em uma Unidade Didática (UD) para explorar os assuntos enunciados utilizando recursos como: aulas teóricas e práticas no laboratório de Biologia e um roteiro tipo passo a passo para acessar o *site* do GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) no laboratório de informática do CMSM;
 - Identificar as dificuldades dos alunos para acessar o GenBank;
 - Reconhecer o nível de informações dos alunos sobre genes, DNA, proteínas e síntese de proteínas após o acesso ao GenBank;
 - Verificar as integrações concebidas pelos alunos sobre síntese de proteínas após a experiência de acessibilidade ao GenBank.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 O Ensino de Biologia e a Biologia Molecular

Especialistas de várias áreas do conhecimento humano afirmam ser o século XXI o “Século da Biologia”. Essa afirmação se dá em razão dos grandes avanços percebidos por meio de pesquisas realizadas na área da Biologia Molecular, Genética, Ecologia, Fisiologia, Bioquímica, entre outras.

Por outro lado, esses avanços vêm acompanhados de discussões importantes sobre bioética, exploração de recursos naturais e biotecnologia e seu impacto na vida das pessoas. No entanto, Pedrancini et al. (2007) observam que muitas pessoas têm dificuldade em reconhecer as implicações desses avanços científicos em sua vida pessoal.

Entretanto, na área de Genética, para compreender as inovações, é importante o conhecimento de conceitos básicos. Esta compreensão é necessária tanto ao professor quanto ao aluno, já que temas desta área estão cada vez mais presentes no cotidiano das salas de aula.

De acordo com orientações curriculares para o ensino médio (BRASIL, 2006), a tendência atual do ensino médio, na área das ciências, é focalizar grandes princípios e conceitos básicos em oposição ao tratamento mais comum do ensino de fatos isolados. Igualmente, enfatiza o desenvolvimento de atitudes que contribuem para a melhoria da qualidade de vida, tanto pessoal quanto social e, para o pleno exercício da cidadania.

Este conhecimento deve permitir que, em uma sociedade informada, os cidadãos compreendam, mesmo em nível básico, os avanços da investigação neste âmbito de estudo e se interessem pelo efeito tecnológico e social ocorrido em um mundo caracterizado pela informação e pela aprendizagem que deve ser contínua. É necessário que os alunos percebam o conhecimento científico como produto em contínua revisão do trabalho coletivo de uma comunidade de investigadores.

Nesse contexto, Turney (1995) sugeriu três motivos para desenvolver a compreensão da Genética entre as pessoas. O primeiro motivo está relacionado

com a necessidade que os indivíduos possuem de serem capazes de interpretar os resultados da multiplicidade de pesquisas que estão disponíveis a partir do PGH.⁸ O segundo motivo se relaciona com a necessidade de um entendimento mais amplo, com a finalidade de valorizar suas investigações, para que elas continuem sendo financiadas. E o terceiro motivo é que a regulação desses trabalhos, nesta área, deve-se realizar em clima de informação.

Segundo Ayuso e Banet (2002), por meio do ensino da Genética deve-se proporcionar aos alunos um marco conceitual e elementar para a localização, a transmissão e as mudanças das características hereditárias. Isto contribuirá para que os aprendizes compreendam melhor o significado de certos fenômenos biológicos importantes, como a divisão celular ou a reprodução dos seres vivos.

No entanto, alguns pesquisadores (LEWIS; WOOD-ROBINSON, 2000; SCHEID, 2001 apud SCHEID, 2004) têm indicado que o processo de ensino e aprendizagem nessa área vem apresentando dificuldades. Citam como exemplo, dificuldades em inter-relacionar importantes pré-requisitos da genética que permitam um entendimento consistente do fenômeno da herança. Estas afirmações são preocupantes, pois revelaram que nem mesmo os conceitos básicos da genética, como a relação gene/cromossomo e os processos de mitose e meiose, são compreendidos, pelos alunos, até o final dos anos da escolaridade obrigatória.

Da mesma forma, a maioria dos livros didáticos de Citologia e Genética de nível médio oferece pouca ou quase nenhuma possibilidade de intersecção sobre o dogma central da Biologia Molecular: DNA ↔ RNA → PROTEÍNA. Outro entrave cognitivo é a não compreensão da relação entre Gene - DNA - Proteína.

Ayuso e Banet (2002) alertam que em muitos trabalhos da área de ensino de Genética são apontados problemas conceituais, tais como:

- pouco ou nenhum esclarecimento sobre o PGH;
- dificuldades dos alunos na localização correta da informação genética.

A preocupação com essas defasagens reside no fato que o gene é o objeto principal da Biologia molecular, exige, portanto, que se tenha um nível de abstração mais elaborado para compreender as intrincadas relações que ocorrem em nível molecular.

⁸ Projeto iniciado em 1990 que constituiu um esforço internacional para o mapeamento do genoma humano e a identificação de todos os nucleotídeos que o compõem. Um resultado produzido pelo PGH que realmente surpreendeu a totalidade dos cientistas foi o baixo número de genes encontrados, menos de um terço dos 100.000 genes anteriormente previstos.

Para Mortimer (2000), alguns conceitos da cultura científica, como partículas, átomos e íons, dificilmente serão descobertos pelos alunos por meio da sua própria investigação empírica. Esses conceitos, assim como as práticas científicas a eles associados, serão comunicados pelas instituições culturais da Ciência, incluindo a escola.

Num mundo, no qual os meios de comunicação de massa divulgam as versões mais convenientes dos fatos, é necessário um espaço onde os sujeitos adquiram conhecimentos que os capacitem a participar das discussões, que construam suas opiniões. Entende-se ser a escola um desses locais e, portanto, ela deveria formar cidadãos críticos e conscientes. Trata-se, portanto, de capacitar o educando para compreender fenômenos e fatos, mais especificamente, da Biologia, para que, simultaneamente, adquira uma visão crítica que lhe possibilite usar sua instrução nessa área do saber. É o que determinam as Orientações Curriculares para o ensino médio (BRASIL, 2006, p. 21): “(...) Todos devem aprender ciência como parte de sua formação cidadã, que possibilite a atuação social responsável com discernimento diante de um mundo cada dia mais complexo”. Essa determinação aponta para a relevância da disciplina de Biologia no currículo escolar.

A Biologia, especialmente a Genética, tem absorvido os conceitos da Nova Biologia, a qual inclui os atuais saberes onde se situam a Biotecnologia e a Biologia Molecular. Loreto e Sepel, (2003) apontam problemas com o ensino desses conceitos, como a formação deficiente de parte significativa dos professores do ensino médio e o fato do conhecimento nesta área ser abstrato porque, necessariamente, decorre de investigações realizadas em nível molecular e celular.

Confirmando essa posição, Teixeira e Carvalho (2006) no trabalho intitulado “Um jogo de interpretação (RPG) para o ensino de Genética: em busca do gene perdido” indicam dificuldades no ensino de Genética para estudantes do ensino médio, principalmente para estes reconhecerem a relação célula - cromossomo - DNA - gene.

Da mesma forma, Lima et al. (2007), em pesquisa sobre a compreensão dos conceitos de DNA, gene e cromossomo, entre alunos do ensino médio, identificaram, no grupo pesquisado, um baixo nível de compreensão desses conceitos, assim como, pouca relação entre eles e outros conceitos como proteínas e enzimas.

Análises realizadas nos EPEB dos anos de 2004 e 2006 (Encontro Perspectivas de Ensino de Biologia), na Faculdade de Educação da USP

(Universidade de São Paulo), mostraram que num universo de 583 trabalhos, apenas 46 eram alusivos à Genética, e dentre eles, 10 versavam sobre síntese de proteínas. Portanto, esses dados revelam que apenas 2% dos trabalhos eram exclusivamente focados na síntese de proteínas. Entretanto, a compreensão desse processo é fundamental para o avanço em temas correlatos, como a hereditariedade.

Diante desse cenário, esta pesquisa apresenta uma estratégia didática de acesso orientado ao GenBank/NCBI a partir de planejamentos didáticos contidos em uma UD. O objetivo dessa ação é possibilitar aos alunos de Ensino Médio uma melhor compreensão da relação DNA-RNA-proteínas.

Na seção a seguir, trata-se da Bioinformática.

2.2 A Bioinformática

2.2.1 Os bancos de dados genéticos

As bases de dados em Biologia Molecular são importantes principalmente por representarem uma forma de tornar os dados produzidos em todo o mundo acessíveis a todos. Essa acessibilidade se dá principalmente por meio de *sites* como <<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/about/primer/bioinformatics.html.com.br>>.

Nesse contexto, apresenta-se a seguir um breve histórico da Bioinformática fundamentado em Farah (2007) e em informações disponíveis no *site* <<http://www.odnavaiaescola.com.br>>.

A primeira base de dados de Biologia Molecular parece ter surgido por volta de 1960, quando Dayhoff e colaboradores construíram um catálogo contendo todas as sequências de proteínas conhecidas até a data. Essas sequências foram publicadas no livro “*Atlas of Protein Sequences and Structure*”, em 1965. O conteúdo dessa base de dados não deveria conter mais de 1Mb (Mega Byte) de informação, se transferida para computadores modernos.

Tão logo os organismos passaram a ser estudados ao nível de seus códigos genéticos, surgiu a ideia de se criar um local comum e de domínio público para

depositar toda a informação adquirida sobre sequências de DNA. O primeiro desses bancos de dados foi criado nos anos 80 pelo European Molecular Biology Laboratory (EMBL), em Heigelberg, Alemanha, atualmente conhecido como EMBL-bank e localiza-se em Hinxton, Reino Unido. Em seguida veio o GenBank, lançado inicialmente por Los Alamos National Laboratory, localizando-se atualmente no National Center for Biotechnology Information (NCBI), em Bethesda, Maryland. Em 1987, foi formalizado um acordo de cooperação entre essas duas instituições, incluindo mais um parceiro, o DNA Data Bank do Japão, DDBJ, do National Institute of Genetics, em Mishima. Basicamente, três grupos gerenciam somente um banco de dados, uma vez que há troca diária e automática da informação armazenada. Com a expansão dos projetos de sequenciamento de genoma pelo mundo, o volume de dados produzidos tem crescido significativamente. Somente o banco de dados do GenBank tem dobrado a quantidade de dados a cada 18 meses, desde que foi inaugurado, ultrapassando 95 milhões de pares de bases (LATHE et al., 2008). Porém, esse é apenas um entre os inúmeros bancos de dados existentes.

Entretanto, os bancos de dados disponíveis para a utilização e pesquisa de genes e proteínas são basicamente de dois tipos: os primários e os secundários. Os primários apresentam resultados de dados experimentais publicados com alguma interpretação, não existindo uma análise cuidadosa dos referidos dados com relação aos já publicados anteriormente. Este é o caso, por exemplo, do GenBank, e do EMBL. Já os secundários, são aqueles onde há uma compilação e uma interpretação dos dados de entrada nos quais podem ser obtidos dados mais representativos e interessantes, uma vez que os mesmos devem ser revisados criticamente e atualizadas por uma equipe especializada de biólogos. São conhecidos como bancos de dados curados. Um exemplo é o SWISS-PROT, o qual dispõe de um banco de dados de sequências de proteínas com alto nível de organização e manutenção do seu acervo (como a descrição da função de uma proteína, a sua estrutura, modificações pós-traducionais, variantes, etc...). Outro exemplo é o TrEMBL, suplemento da SWISS-PROT, de anotação automática, o qual contém as traduções conceituais de todas as sequências nucleotídicas do EMBL que ainda não foram integradas ao SWISS-PROT.

Conforme já dito anteriormente, a avalanche de informação produzida por meio das técnicas de Biologia Molecular gerou a necessidade de sistemas capazes de armazenar e analisar todas essas informações. A solução encontrada foi a

informática, pois computadores permitem estocar grande quantidade de informação em bancos de dados, além de analisar rapidamente as informação e criar formas de fácil acesso a dados específicos.

2.2.2 A Bioinformática e a Biologia Molecular

A Bioinformática é a ciência que gerencia e analisa dados biológicos ou biomédicos, utilizando ferramentas da Matemática, estatística e computação combinado aos conhecimentos da Química, Física e Biologia.

Assim, a utilização cada vez maior da informática no estudo da pesquisa biológica e, ainda mais especificamente, no estudo dos genes, deu origem à disciplina conhecida como Bioinformática.

Dessa forma, a Bioinformática é considerada uma subdivisão da biotecnologia e representa o “casamento” da biotecnologia com a informática. De modo simples, a Bioinformática consiste no depósito e análise de sequências genéticas em bancos de dados e, conseqüentemente, a manipulação e análise destas sequências com a utilização de softwares específicos (FARAH, 2007).

Assim, essa ciência conhecida como Bioinformática tem três objetivos principais, segundo Farah (2007):

- 1) Desenvolver maneiras de estabelecer relações entre elementos de um grande conjunto de dados;
- 2) Analisar e interpretar vários tipos de dados, incluindo sequências de DNA e aminoácidos, proteínas e suas interações;
- 3) Desenvolver e implementar ferramentas que permitam o acesso eficiente e o manejo de diferentes tipos de informação.

Objetivos mais específicos da Bioinformática estão registrados em <http://www.wikipedia.com> e constam do desenvolvimento de softwares para tratar de dados com a finalidade de identificar, por exemplo, genes, prever as configurações tridimensionais de proteínas, identificar inibidores de enzimas, organizar e relacionar informação biológica, simular células, agrupar proteínas homólogas, montar árvores filogenéticas, comparar múltiplas comunidades microbianas por construção de

bibliotecas genômicas, analisar experimentos de expressão gênica entre outras inúmeras aplicações.

Atualmente, é inconcebível fazer pesquisa em Biologia Molecular sem o apoio da Bioinformática, pois grande parte do conhecimento biológico origina-se a partir de análises realizadas em computadores, substituindo a prática de experimentos na bancada de laboratórios. Desse modo, a maioria dos biólogos envolvidos com a pesquisa genética não está restrita apenas ao trabalho de laboratório, dedica grande parte do seu tempo à Bioinformática.

Uma aplicação básica da pesquisa em Biologia Molecular é identificar a existência de genes dentro de uma sequência de DNA. Uma sequência de DNA não representa necessariamente um gene. Pode ser um fragmento de um gene, pode conter vários genes ou não ter gene algum. O GenBank, criado pelo NIH (National Institutes of Health), em 1988, abriga esse tipo de informação.

Alguns trabalhos apontam para a possibilidade da inserção da Bioinformática na escola média. Como exemplo do uso da bioinformática no ensino de Biologia, cita-se o trabalho de Guimarães (2004) apresentado no IX EPEB/USP, onde o autor utiliza o *Biology Workbench*, ferramenta esta que permite encontrar as sequências de proteínas presentes em diferentes seres vivos. O referido trabalho traz o relato de uma proposta na qual uma equipe de alunos de uma escola pública de Dracena (SP), deve procurar o parentesco de um grupo de animais visualizados por eles, primeiramente através de slides, utilizando posteriormente um "manual" para o emprego do *Biology Workbench*, acompanhado de um glossário informando o nome das espécies em inglês. O autor finalizou o trabalho registrando que os alunos construíram, com êxito, a árvore de similaridade entre as espécies, baseada na sequência de aminoácidos das proteínas escolhidas.

Durante a RECOMB,⁹ foi discutida a necessidade de mudança de paradigma na educação com relação à Biologia devido ao acréscimo de novos cursos computacionais nos currículos, e, dessa forma, a inclusão da Bioinformática nos cursos de Graduação em Biologia. Do mesmo modo, já em 2003, na *National Academies Press*, Washington, DC, no *National Research Council*, BIO 2010, *Transforming Undergraduate Education of future Research Biologists*, já se recomendava mudanças substanciais no currículo para pesquisa orientada em

⁹ Bioinformatics Education Conference realizada em 14 e 15 de março de 2009. Disponível em: <http://casb.ucsd.edu/bioed>, realizada em La Jolla (EUA).

Bioinformática destinada aos estudantes do curso de Biologia. A consequência dessas mudanças nos cursos de graduação de Ciências Biológicas - Licenciatura Plena seria a inserção da Bioinformática no Ensino Médio.

Conforme já apontado anteriormente, a Bioinformática é tão essencial para a Biologia, nesse século, como a Biologia Molecular foi no século passado. De fato, é difícil conceber a Biologia Molecular moderna sem a Biologia Computacional, pois, segundo Pevzner e Shamir (2009, p. 541): “(....), um enigma difícil de algoritmos tinha que ser resolvido a fim de se conseguir montar a sequência de pequenas peças do genoma humano”.

2.3 A Estrutura da Unidade Didática (UD) utilizando os Três Momentos Pedagógicos (3MP)

2.3.1 A origem dos Três Momentos Pedagógicos (3MP)

No Brasil, a implementação dos 3MP para um contexto de educação formal teve como referência três projetos. Um desenvolvido na África, intitulado “Formação de professores de Ciências Naturais da Guiné/Bissau”, coordenado por Demétrio Delizoicov e André P. Angotti (1982), e dois no Brasil, intitulados “Ensino de Ciências a partir de problemas da comunidade”, coordenado por Marta Maria Pernambuco (1983) e “Projeto interdisciplinaridade via tema gerador”, coordenado pelo Movimento de Reorientação Curricular do Município de São Paulo (1992). Este projeto foi implantado em escolas públicas do município de São Paulo, de 1989 a 1992, quando Paulo Freire (1921-1997) atuou como Secretário Municipal de Educação. Este projeto, destinado aos 8 (oito) anos do Ensino Fundamental da época, e foi desenvolvido em parceria com professores das escolas da rede municipal, técnicos de órgãos da Secretaria Municipal de Educação de São Paulo e assessores (professores e investigadores universitários). O projeto visava o ensino das diferentes disciplinas escolares e da elaboração do currículo das escolas, comprometendo professores de todas as áreas e envolveu dezenas de milhares de alunos, cerca de três centenas de escolas e os professores destas. “A elaboração do

currículo neste viés era uma lógica de organização estruturada com base em temas com os quais são selecionados os conteúdos de ensino das disciplinas” (DELIZOICOV; ANGOTTI, PERNAMBUCO, 2007, p. 189). Nesta abordagem, a conceituação científica da programação é subordinada ao tema.

O segundo projeto brasileiro, coordenado por Marta M. Pernambuco, estava destinado ao ensino de Ciências na educação primária de 1ª a 4ª séries. O foco do projeto era uma reflexão sistemática na prática de adaptar o conteúdo de Ciências Naturais das quatro primeiras séries do 1º grau (atualmente Educação Infantil) à realidade de comunidades específicas. Foi implantado de 1984 a 1987 em escolas, algumas do meio rural, no município de São Paulo do Potengi, e uma na capital do estado do Rio Grande do Norte (Natal), por meio do convênio com a Universidade Federal do Rio Grande do Norte e o Ministério da Educação, e as Secretarias de Educação dos municípios responsáveis pelas escolas. Este projeto destinava-se também à formação de professores.

Entretanto, o início da adaptação das ideias de Freire aos 3MP ocorreu em torno de 1975, no Instituto de Física da Universidade de São Paulo (IFUSP), momento em que era debatido no grupo liderado por Luiz Carlos Menezes, uma proposta para o ensino de Ciências. Entre os objetivos discutidos estava a compreensão do mundo físico em que o aluno vivia aliado ao ensino dos conhecimentos científicos.

De acordo com Delizoicov (1982), em sua dissertação intitulada “Concepção problematizadora de ensino de Ciências na educação formal”, a semelhança entre a concepção estudada e as ideias de Paulo Freire sobre educação, motivou o grupo a adaptá-la a um contexto de educação formal.

2.3.2 As práticas educativas freirianas: gênese dos 3MP

As práticas educativas freirianas, orientadas pelos 3MP, começaram a ser divulgadas na década de 90, a partir da publicação dos livros Metodologia do Ensino de Ciências (1994) e Física (1992), os quais contemplavam uma dinâmica didático-pedagógica, fundamentada na perspectiva de uma abordagem temática conhecida como os 3MP (DELIZOICOV; ANGOTTI; PERNAMBUCO, 2007).

Em estudo realizado recentemente, Muenchen (2010) registrou em sua pesquisa, práticas pedagógicas de docentes formadores da educação básica, que utilizam junto aos professores de Ciências da região de Santa Maria (RS), os 3MP.

Delizoicov (1982) salienta que, segundo as premissas freirianas, os 3MP, também denominados Roteiro Pedagógico pelo CEPI (Centro de Educação Popular Integrada) da Guiné/Bissau, são representadas por 1º Momento: Estudo da Realidade (ER), 2º Momento: Estudo Científico (EC) e 3º Momento: Trabalho Prático (TP). O ER correspondia ao primeiro contato com o assunto a ser estudado, seja através de “exame do objeto em estudo” seja através do “levantamento de dados sobre o mesmo”. O segundo momento, EC, correspondia a ocasião de se abordar aspectos necessários à compreensão da realidade, de modo a desenvolver as habilidades de cálculo, manuseio de instrumentos, entre outros, e o TP, correspondente ao terceiro momento, consistia na realização de atividades coletivas estimuladas pelo estudo científico, articuladas a intervenções que se relacionavam com as condições locais em que a população vivia.

De modo semelhante, os 3MP segundo Delizoicov e Angotti (1982) podem ser representados por 1º Momento: (PI); 2º Momento: (OC) e 3º Momento: (AC).

No entendimento de Delizoicov (1982), o roteiro pedagógico utilizado pelo CEPI¹⁰ da Guiné/Bissau pode ser considerado a gênese do que hoje se denomina os 3MP.

2.3.3 A UD: Do gene à proteína - explorando o GenBank

“A UD caracteriza-se por um conjunto de aulas sobre um determinado tema” (CAMPOS; NIGRO, 1999, p. 99). Nesta pesquisa, utilizou-se os 3MP como recurso para a construção da UD. Entretanto, não foi objetivo desta pesquisa analisar as potencialidades ou a viabilidade da dinâmica dos 3MP, mas sim, utilizá-la como ferramenta capaz de organizar a UD numa experiência de educação problematizadora. Assim, este trabalho teve como base a estruturação de uma UD com o objetivo de investigar as contribuições do GenBank, enquanto recurso

¹⁰ Centro de Educação Popular Integrada (CEPI), coordenado pelo Institut de Recherché, Formation e Developpement (IRFED) em parceria com o Ministério da Educação da Guiné Bissau.

didático no ensino e na aprendizagem sobre a síntese de proteínas. Para atingir esse objetivo organizaram-se atividades teóricas, práticas, com roteiro próprio, inseridas na UD, elaboradas de acordo com a metodologia dos 3MP, configurando-se em 11 planejamentos instrucionais resultando num Caderno Didático.

Esta UD foi implementada com seis (06) alunos voluntários do 2º ano do Ensino Médio. Os assuntos DNA, RNA, proteínas, síntese de proteínas, genes e Bioinformática foram desenvolvidos nesta UD segundo a dinâmica básica das três fases/etapas denominadas de 3MP. Esse modelo baseia-se na proposta de Delizoicov e Angotti (1994), conforme já comentado anteriormente, interpretada e adaptada como descrita a seguir.

Segundo esse modelo, durante a PI são apresentadas, para discussão com os alunos, questões e/ou situações que estejam relacionadas com a temática central a ser abordada e que, ao mesmo tempo, tenham um potencial problematizador, por estarem referenciadas na realidade vivencial desses alunos. Durante esta discussão, podem surgir outras questões ou situações trazidas pelos próprios alunos. Situação essa extremamente saudável. Nesse caso, o importante é selecionar e investir naquelas questões que sejam realmente desafiadoras, ou seja, naquelas que possam se tornar verdadeiros problemas para os alunos, de modo que os mesmos sintam necessidade de superá-lo sem perder o elo com o que o professor quer ensinar. Neste momento, a discussão não só pode, como deve permitir, que emergam algumas concepções e ideias prévias dos alunos sobre o assunto a ser tratado. Deve, também, levar os alunos a sentir a necessidade de buscar outros conhecimentos que ainda não dominam para resolver os problemas e as dúvidas que já possuem ou que se estabeleceram nesta etapa. Para isso, a postura do professor deve se voltar mais para auxiliar na explicação das dúvidas levantadas sobre o assunto do que para fornecer explicações prontas e acabadas.

Delizoicov e Angotti (1994) salientam que as características essenciais da PI devem servir de motivação para se introduzir um conteúdo específico, além de fazer a ligação desse conteúdo com situações reais que os alunos conhecem e presenciam para as quais provavelmente eles não dispõem de conhecimentos suficientes para interpretar total ou corretamente o assunto. Delizoicov e Angotti recomendam ainda que a postura do educador seja mais a de questionar e lançar dúvidas do que de responder e fornecer explicações. A problematização poderá ocorrer pelo menos em dois sentidos. De um lado, pode ser que o aluno já tenha

noções sobre as questões colocadas, fruto da sua aprendizagem anterior, na escola ou fora dela. Suas noções poderão não estar de acordo com as teorias e as explicações das Ciências, caracterizando o que se tem chamado de concepções prévias ou conceitos intuitivos dos alunos, os quais precisam aproximar-se do conhecimento científico o que será feito na OC.

Durante a etapa OC, os conhecimentos de Biologia necessários à compreensão do tema central e ao encaminhamento de soluções para as questões da PI devem ser sistematicamente estudados sob o estímulo e a orientação do professor. Nesse caso, o professor organiza a sequência do que precisa transmitir com relação aos problemas levantados pelos alunos. Do ponto de vista metodológico, no âmbito desse momento pedagógico, cabem atividades das mais diversas, buscando oportunizar aos alunos a vivência de uma variedade de situações e formas de desenvolvimento cognitivo que permitam atingir a compreensão necessária dos temas abordados.

O conteúdo programado é preparado em termos instrucionais para que o aluno o aprenda de forma a, de um lado, perceber a existência de outras visões e explicações para as situações e fenômenos problematizados, e, de outro, a comparar esse conhecimento com o seu, para usá-lo para melhor interpretar aqueles fenômenos e situações. Conforme destacado, nota-se a presença do termo tema, ou seja, introduz-se a ideia de que a intenção é a de que o conhecimento científico está colocado na perspectiva de compreensão da problematização e do tema, e não como um fim em si mesmo. Para desenvolver esse momento, o professor é aconselhado a utilizar, como recurso, diversas técnicas de ensino, tais como: estudo em grupo, seminários, visitas, excursões e aulas práticas.

Desta forma, então, no presente estudo foram selecionados conteúdos e atividades didáticas buscando explorar os assuntos proteínas, síntese de proteínas e genes, por meio do GenBank/NCBI, através das ferramentas OMIM (Herança Mendeliana no Homem Online) e ENTREZ GENE, seguindo 11 planejamentos didáticos, contemplando assim a OC da UD. Deste modo foi então apresentado o conhecimento em Biologia Molecular necessário para a compreensão do tema e da PI.

Por fim, a UD encerra-se com a etapa da AC a qual possui dupla finalidade. Inicialmente, destina-se à utilização dos conhecimentos construídos pelos alunos para interpretar as situações problematizadoras, procurando delimitar o grau de

compreensão obtido sobre as mesmas; ao mesmo tempo, tal etapa deve ser um espaço de exploração de novas situações, preferencialmente vinculadas à vivência cotidiana dos alunos, que possam ser compreendidas e explicadas, utilizando-se, basicamente, o mesmo conjunto de conhecimentos biológicos (conceitos, modelos, leis e teorias) desenvolvido nas aulas. Em ambos os casos, pode-se ter, ao final das discussões, elementos que suscitem e/ou indiquem a necessidade de aprofundamento dos estudos, abrindo-se para nova temática, ou seja, para o desenvolvimento de uma nova UD.

Destina-se, sobretudo, a AC, a abordar sistematicamente o conhecimento que vem sendo incorporado pelo aluno, para analisar e interpretar, tanto as situações iniciais que determinaram o seu estudo, como outras situações que não estejam diretamente ligadas ao motivo inicial, mas que são explicadas pelo mesmo conhecimento. Com isso, pretende-se que se perceba que o conhecimento está disponível para qualquer cidadão e por isso deve ser apreendido, não sendo apenas uma construção historicamente determinada.

A UD, proposta nesta pesquisa, foi aplicada durante 20 horas/aula presenciais no contraturno (tarde) da escola, num espaço de ensino, denominado “Clube de Ciências” que funcionava as quartas, das 14 às 16 horas, no Laboratório de Biologia do CMSM. Também envolveu 05 horas de atividades não presenciais. Esta UD, denominada: “Do gene à proteína: explorando o GenBank com alunos do ensino médio”, foi desenvolvida durante o 2º semestre de 2009.

2.4 Ideias prévias e mudança conceitual dos alunos

Uma das questões preocupantes, enquanto professora da área das ciências, é como os alunos aprendem novos conteúdos, em especial os de caráter científico, já que eles não têm um total desconhecimento acerca dos mesmos. Através de diversas fontes, eles vêm recebendo informações sobre esses conceitos e vão, no decorrer da vida, construindo suas próprias concepções mais ou menos certas que, algumas vezes, podem coincidir com as concepções consideradas corretas do ponto de vista científico.

Pelo fato destas concepções estarem muito arraigadas nos alunos, é importante levar em conta o papel que estas ideias iniciais exercem sobre a assimilação de novos conhecimentos ratificados pela Ciência. Estas considerações servem de ponto de partida para realizar uma reflexão sobre alguns aspectos que incidem diretamente na aprendizagem e no ensino das ciências. Esses aspectos podem referir-se aos conceitos em si, à forma de ensiná-los e à maneira como se avalia os mesmos, entre outras considerações.

Para determinar o momento em que surgiram as ideias prévias como objeto de investigação, dentro do ensino das ciências, deve-se reportar às contribuições de Piaget (1971), Inhelder e Piaget (1972). Nesta linha, Driver e Esley (1978) assinalaram que o trabalho de Piaget propiciou o aparecimento de diversos enfoques na investigação no campo da aprendizagem das Ciências. Entretanto, foram os trabalhos desses dois autores e de outros que contribuíram de maneira significativa com relação à importância dos professores conhecerem antecipadamente quais são as concepções que os alunos têm quando chegam às suas aulas, sobretudo no que diz respeito a noções de processos científicos.

A investigação sobre as ideias prévias foi prolífera, principalmente na área do ensino de Física, no período de 1980-1990 onde encontra-se, atualmente, abundante literatura (SANTOS, 1991). No entanto, têm-se pesquisas significativas de outras disciplinas científicas como o ensino da Química e da Biologia. Na Biologia, destacam-se principalmente as relações teleológicas e antropomórficas estabelecidas pelos alunos em determinados tópicos relacionados nesta disciplina curricular.

Nesse contexto, o conhecimento que possuem os estudantes sobre os fatos do mundo cultural que os rodeia, tem sido objeto de distintas denominações por parte de diversos autores: Ausubel (1980) as denominou preconceitos, Novak (1990) as chamou concepções errôneas.

No entanto, o Construtivismo, como é conceituado por Becker (1992), defende a ideia de que nada a rigor está pronto, e de que o conhecimento nunca é dado, em nenhuma instância, como algo terminado. Ele é fruto da interação do indivíduo com o meio físico e social. Vários autores assinalam a importância das ideias prévias (POSNER, 1982; RESNICK, 1983; DRIVER, 1986 apud BECKER, 1992). O que existe no cérebro de quem vai aprender é importante, os resultados da aprendizagem não são somente a consequência das aulas e das atividades que os

alunos realizam. Os conhecimentos prévios que os alunos têm a respeito dos assuntos, influenciam de maneira importante nas interpretações do mundo que os cerca. Encontrar sentido supõe estabelecer relações. Os conhecimentos que permanecem na memória por um longo tempo se estruturam e se inter-relacionam de múltiplas formas. Quem aprende, constrói, de maneira ativa, significados, interpreta novas experiências a partir do que já sabe e o conhecimento inicial acaba se modificando ou não e muitas vezes há uma coexistência do conhecimento prévio e do científico.

Para Hewson (1981), esta mudança conceitual pode produzir-se de quatro formas distintas: a) incompatibilidade entre a ideia prévia e a nova, que pode produzir-se em uma recusa dessa por requerer uma importante reestruturação mental (então não se produz a aprendizagem); b) uma simples memorização dos novos conceitos (não se produziu aprendizagem significativa); c) que a ideia antiga seja substituída pela nova, pois ambas eram opostas e é necessário, então, um intercâmbio (produz-se assim, uma aprendizagem significativa); d) que se dê uma mistura de ambas, a ideia antiga e a nova, pois não são incompatíveis (é o que se conhece por "captura conceitual" e a aprendizagem que se produz dessa forma torna-se significativa).

É válido que os professores conheçam as ideias prévias dos seus alunos, o que vai implicar significativamente nas suas práticas, vários estudos reafirmam esta importância. Jones, Carter e Rua (1999) apontam que se os professores soubessem quais são as ideias prévias de seus alunos, esse fato poderia favorecer a aprendizagem.

Neste contexto, se estende para as editoras dos livros didáticos a possibilidade de incluir, nos textos destinados especificamente aos professores, listas das ideias prévias mais significativas dos alunos sobre determinado assunto. Também, nesta linha, vários autores têm produzido valiosas contribuições ao revelarem em suas pesquisas as ideias prévias dos alunos em determinadas áreas do currículo (BANET, 2000; BANET; AYUSO, 1995; BANET; NÚÑEZ, 1990).

2.4.1 Mudança conceitual

No entendimento de Santos (1991), os conceitos não existem isolados, fazem parte de uma rede estruturada, sendo necessário fazer as inter-relações. Para conceitualizar, o sujeito utiliza, consciente ou inconscientemente, estratégias mentais que são diferentes conforme os níveis de formação dos conceitos (nível concreto, nível de identificação, nível de comparação, nível de classificação entre outros).

Segundo a mesma autora, sobre o aluno no seu processo de elaboração de conceitos consideram-se dois pressupostos básicos:

a) *Primeiro*: que o processo de elaboração de conceitos no indivíduo se inicia com o nascimento, desde o instante em que o mesmo começa a fazer discriminações do meio em que o cerca;

b) *Segundo*: o aspecto primordial e que nos diferencia dos demais animais é a capacidade de raciocínio.

As ideias prévias, em geral, são oriundas das primeiras experiências dos indivíduos e que vêm ao encontro do primeiro dos pressupostos básicos apontados acima, isto é, as ideias prévias vão se traduzir na maior parte das ocasiões por uma resposta imediata à experiência. O segundo, ao contrário, sendo fruto de uma interação verbal, exige ensinamentos específicos. Portanto, o professor não pode esperar que a formação de conceitos ocorra acidentalmente. Cabe ao educador auxiliar o aluno à reflexão, para que utilize de forma produtiva e racional o seu pensamento e possibilitar que o mesmo utilize estratégias cognitivas para (re)construir os conceitos científicos.

Nesse caso, registra-se a disponibilidade de uma extensa literatura relacionada ao levantamento das ideias prévias dos alunos, em diversos tópicos, havendo, entretanto, poucas pesquisas experimentais relacionadas ao registro de como tais ideias se modificam no decorrer dos diversos tipos de instrução específica a que esses alunos são submetidos durante o processo de escolarização.

A aprendizagem conceitual tende a ser vista, hoje, como uma mudança entre concepções qualitativamente diferentes (senso comum e científico). Entretanto, segundo os aportes teóricos, para os modelos de mudança conceitual, é condição essencial que a apropriação dos conceitos científicos seja intimamente determinada pelas ideias prévias dos alunos. Pois, na concepção de Santos (1991), o

pensamento formal, tal como é interpretado pela psicologia piagetiana - instrumento cognitivo aplicável à generalidade do conhecimento -, é condição imprescindível, mas não suficiente para que os alunos se apropriem dos conhecimentos científicos. Nesse contexto, nas observações, investigações que os discentes fazem nas aulas são necessárias que o professor leve em conta as ideias prévias dos mesmos. Tal respeito por estas concepções não significa que estas ideias prévias manifestadas pelos mesmos devam permanecer imutáveis. Pela ótica construtivista, o processo de aprender implica que quem aprende recorre aos seus esquemas mentais (ou maneira de pensar, raciocinar) para enfrentar e tentar compreender novas situações que se apresentem a eles.

Entretanto, constitui uma interrogação fundamental a questão relativa a como ocorre a mudança de conceitos no indivíduo sob o impacto de novas ideias ou novas evidências. Sabe-se que reestruturações sucessivas constroem o conhecimento. Todavia, a mudança não é tarefa fácil uma vez que qualquer concepção está articulada de forma complexa a muitas outras concepções, por consequência, mudar uma, implica, muitas vezes, repensar outras. Logo, o conhecimento individual não é um simples conjunto de elementos, mas uma série de complexas estruturas. A aprendizagem envolve o desenvolvimento e a transformação de tais estruturas.

Na opinião de Santos (1991) os principais pontos de convergência dos modelos de mudança conceitual, são:

- a exigência de se partir sempre do que o aluno já sabe;
- necessidade de que a mudança conceitual ocorra;
- o desempenho ativo do aluno em tal processo de mudança traçando passo a passo os degraus do conhecido para o novo.

As proposições racionalistas e construtivistas afirmam que o aluno tem papel ativo no processamento das experiências e das informações, e que indivíduos diferentes constroem ideias diferentes, a partir de uma mesma informação e/experiência. Afirmam ainda que as novas ideias não são acrescentadas às velhas, mas que interagem com elas demandando aceitação de ambas. Para os construtivistas, a realidade é percebida de forma individual e edificada pelo observador.

Santos (1991) aponta que são teses como essas que embasam as epistemologias racionalistas e construtivistas na gênese dos modelos de aprendizagem por mudança conceitual. Na visão de tais modelos, os discentes não

são uma tábula rasa antes da instrução formal e, as construções mentais prévias, interagem com o que se ensina.

Quando o aluno planeja os degraus do que ele já conhece para o novo, dois caminhos são possíveis quanto à maneira como se constrói esse percurso:

- construir a nova extensão do que lhe é conhecido - modelos de captura conceitual;

- construir o “novo”, rompendo com o conhecido, ou seja, partindo da correção do que lhe é familiar - modelos de troca conceitual.

Aqui cabe ressaltar que o trabalho de pesquisa, que nós propusemos a realizar, reporta-se ao modelo de captura conceitual, focalizando a atenção nos aspectos das representações dos alunos que são consistentes, logo, conciliáveis com aspectos dos conceitos científicos a aprender.

As teorias da aprendizagem, por mudança conceitual, se baseiam na tese de que há sempre algo nas representações dos alunos, que permite a ancoragem, termo da teoria de David Ausubel,¹¹ que significa que novas ideias e conteúdos aprendidos pelos alunos vão funcionando como um ancoradouro, integrando-se e transformando-se em função dessa ancoragem. Afirmam ainda que o novo é sempre construído no prolongamento familiar e por inclusão de novos elementos, recomendam que, no processo de ensino aprendizagem, deve-se tentar tornar evidente, logo de início, ligações, entre os dois tipos de conhecimento (individual e coletivo) de forma a reconciliar ideias que, a princípio, parecem contraditórias.

O modelo ausubeliano (David Ausubel), descrito na próxima seção tem por base a teoria da aprendizagem significativa por diferenciação e integração de conceitos, e o modelo de Robert Gagné¹² (1916-2002), que tem por apoio uma teoria de ensino por construção hierárquica dos conhecimentos (defendendo que o novo conhecimento é construído com componentes do antigo), são exemplos de modelos de captura conceitual. Esses modelos têm viabilidade de aplicação somente quando as representações dos alunos não forem qualitativamente diferentes dos conceitos científicos.

¹¹ David Ausubel (1918-2008) propôs que o ensino necessita fazer algum sentido para o aluno e, nesse processo, a informação deverá interagir e ancorar-se nos conceitos relevantes já existentes na estrutura dos alunos.

¹² Gagné considerava que a aprendizagem é uma mudança interior e tentou integrar os conceitos básicos das teorias cognitivas e comportamentais.

2.5 A teoria de aprendizagem de David Ausubel

A presente seção tem por finalidade oferecer uma visão geral da teoria de aprendizagem de David Ausubel, com base nos trabalhos de Marco Antonio Moreira, principal estudioso e difusor da mesma no Brasil (MOREIRA; MASINI, 1982; MOREIRA, 1986, 1987, 1999, 2006).

Durante muito tempo manteve-se, no cenário da psicologia educacional, a teoria condutivista, que se baseia numa concepção reducionista, pela qual a aprendizagem podia ser adequadamente compreendida e explicada a partir das leis estabelecidas no estudo da aprendizagem animal.

David Ausubel, na década de 1960, em parceria com Joseph Novak, em colaboração com Piaget e Bruner, desenvolveram, neste panorama, uma teoria significativa de aprendizagem humana como crítica à aplicação mecânica dos resultados em sala de aula.

Segundo esta teoria, a cognição é o processo, através do qual o mundo de significados tem origem. À medida que o ser se situa no mundo, atribui significados à realidade em que se encontra, originando, assim, a sua estrutura cognitiva, constituindo-se nos *pontos básicos de ancoragem*, dos quais derivam os outros significados. A ancoragem justifica-se porque as novas ideias e conteúdos aprendidos vão funcionando como um ancoradouro, isto é, abrangendo e integrando as ideias e, ao mesmo tempo, modificando-se em função dessa ancoragem.

A *Psicologia Cognitivista* preocupa-se com o processo da compreensão, transformação, armazenamento e uso da informação envolvida na aprendizagem e tem como objetivo estudar os padrões estruturados dessa transformação.

Para Ausubel, a aprendizagem significa organização e integração das informações na estrutura cognitiva. Parte-se do princípio de que existe uma estrutura na qual a organização e a integração se processam: a estrutura cognitiva, que resulta dos processos mediante os quais se adquire e se utiliza o conhecimento. Assim, novas ideias e informações podem ser aprendidas e retidas, na medida em que conceitos relevantes e inclusivos estejam claros e disponíveis na estrutura cognitiva do indivíduo e funcionem como ponto de ancoragem para novas ideias e conceitos. A estrutura cognitiva contempla, portanto, uma estrutura hierárquica de conceitos que são as representações de experiências sensoriais dos indivíduos.

Esta, além de sofrer influência dos conceitos já aprendidos da estrutura cognitiva sobre os novos conhecimentos, também sofre alterações nos conhecimentos da estrutura cognitiva influenciados pelos novos componentes. Em Ausubel, tal processo se chama aprendizagem significativa.

A *aprendizagem significativa* é o eixo central da teoria de Ausubel e vai ocorrer quando novas ideias e informações, que apresentam uma estrutura lógica, interagirem com conceitos relevantes e inclusivos, claros e disponíveis na estrutura cognitiva, sendo por eles assimilados, contribuindo para sua diferenciação, elaboração e estabilidade.

A ideia central da teoria da aprendizagem e o fator isolado mais importante influenciando a aprendizagem é aquilo que o aprendiz já sabe. O principal conceito da teoria da aprendizagem significativa é que ela ocorre quando a nova informação ancora-se em *conceitos relevantes*, que Ausubel define como *conceitos subsunçores* ou somente *subsunçores* (equivale a inseridores, facilitadores ou subordinadores), preexistentes na estrutura cognitiva de quem aprende. O termo subsunção ou ideia - âncora é fundamental na teoria de Ausubel sendo definido por Moreira (1999, p.153) como uma ideia, uma proposição já existente na estrutura cognitiva, capaz de servir de “ancoradouro” a uma nova informação, de modo que esta adquira, assim, significado para o sujeito.

Para Ausubel, o armazenamento de informações no cérebro humano forma uma hierarquia conceitual no qual elementos mais específicos de conhecimento são ligados e assimilados a conceitos mais gerais e inclusivos.

Ao contrário da aprendizagem significativa, a *aprendizagem mecânica* “é a aprendizagem de novas informações com pouca ou nenhuma associação com conceitos relevantes existentes na estrutura cognitiva”. Por exemplo: “aprender pares de sílabas sem sentido ou memorizar fórmulas, leis ou conceitos em Biologia ou Física, embora se possa argumentar que algum tipo de associação ocorrerá neste caso” (MOREIRA, 1999, p.129). Ausubel, porém, não faz uma distinção entre aprendizagem significativa e mecânica como uma dicotomia e sim como um “continuum”.

Levando em conta dois tipos de aprendizagem por descoberta e por recepção, é importante diferenciá-las: Na *aprendizagem por descoberta*, o conteúdo principal a ser aprendido é descoberto pelo aprendiz; na *aprendizagem por recepção*, o conteúdo que deve ser aprendido é apresentado ao aprendiz na sua

forma final. Ambos os tipos de aprendizagem, segundo Ausubel, só vão ser significativos se a nova informação incorporar-se de forma não-arbitrária à estrutura cognitiva.

Porém, de onde se originam os subsunçores presentes na estrutura cognitiva dos indivíduos? Segundo Ausubel, eles surgem de duas formas: a) a partir da aprendizagem mecânica (ela é sempre necessária quando um indivíduo adquire informações em uma área do conhecimento totalmente nova para ele). A aprendizagem mecânica vai ocorrer até que alguns elementos relevantes às novas informações na mesma área existam na estrutura cognitiva e possam servir de subsunçores ainda que pouco elaborados; b) a partir da *formação de conceitos* em crianças pequenas, que é a aquisição de ideias genéricas por meio da experiência empírico-concreta. As crianças, em idade escolar, já possuem um conjunto de conceitos, permitindo a aprendizagem significativa por recepção e por descoberta.

2.5.1 Características dos subsunçores propostos por Ausubel

Ausubel apresenta as seguintes funções para os subsunçores:

- identificam o conteúdo relevante na estrutura cognitiva, explicitando a relevância deste para aprender a nova informação;
- oferecem uma visão geral da informação, salientando as relações importantes;
- provém de elementos organizacionais inclusivos, que colocam em melhor destaque o conhecimento específico da nova informação.

As condições para a ocorrência da aprendizagem significativa, segundo Ausubel, partem do pressuposto teórico de que:

- 1 - o conteúdo a ser aprendido seja potencialmente significativo para o aprendiz;
- 2 - o aprendiz manifeste uma disposição de relacionar o novo conteúdo de maneira substantiva e não-arbitrária à sua estrutura cognitiva.

O primeiro pressuposto depende de dois fatores principais, que são a natureza do conhecimento a ser aprendido e a estrutura cognitiva. O segundo

pressuposto depende da intenção do aprendiz, isto é, sua predisposição à aprendizagem.

O papel do professor na facilitação da aprendizagem significativa envolve pelo menos 4 tarefas fundamentais:

- 1 - identificar a estrutura conceitual e proposicional da matéria de ensino;
- 2 - identificar quais são os subsunçores relevantes para a aprendizagem do conteúdo a ser ensinado;
- 3 - Diagnosticar aquilo que o aluno já sabe;
- 4 - Ensinar, utilizando recursos e princípios que facilitem a aquisição da estrutura conceitual da matéria de ensino de uma maneira significativa.

2.5.2 Assimilação, diferenciação progressiva e reconciliação integrativa

A maioria dos novos conceitos são adquiridos *por assimilação, diferenciação progressiva e reconciliação integrativa*.

a) Assimilação de Conceitos

Para tornar mais claro e preciso o processo de aquisição e organização de significados na estrutura cognitiva, Ausubel propõe o princípio da assimilação para explicar a formação de novos conceitos. Para esse estudioso, adquirir novos conceitos consiste na recepção dos atributos dos mesmos e do relacionamento destes atributos com ideias relevantes já presentes na estrutura cognitiva do aprendiz. Os subsunçores consolidam-se a partir dos *organizadores prévios*, que são conceitos que servem de âncora para a nova aprendizagem e levam ao desenvolvimento de conceitos subsunçores que facilitem a aprendizagem subsequente. Os organizadores prévios funcionam como “pontes cognitivas” para ressaltar ideias conflitivas. Eles são uma estratégia proposta por Ausubel para manipular a estrutura cognitiva, a fim de facilitar a aprendizagem significativa e funcionam como informações introdutórias apresentadas antes da informação a ser aprendida em si.

Assim, na assimilação, as novas ideias permanecem dissociáveis de seus subsunçores, durante um período de tempo variável, podendo ser reproduzidas individualmente, representadas esquematicamente da seguinte maneira:

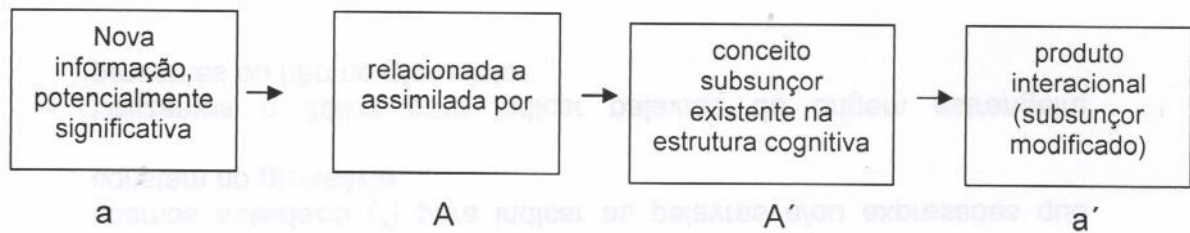


Figura 01 – Representação esquemática dos subsunçores
 Fonte: Moreira e Masini (1982, p.16).

Tal como sugerido no diagrama não só a nova informação a , mas também o conceito subsunçor A , com o qual ele se relaciona são modificados pela interação. Além disso, a' e A' permanecem relacionados como coparticipantes de uma nova unidade $a'A'$ que, em última análise, é o subsunçor modificado.

Ausubel sugere que a assimilação ou ancoragem provavelmente tem um efeito facilitador na retenção das informações. Para explicar como novas informações recentemente assimiladas permanecem disponíveis durante o período de retenção, ele admite que, durante um período de tempo variável, elas permanecem dissociáveis como entidades individuais.

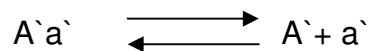


Figura 02 – Assimilação ou Ancoragem segundo Ausubel
 Fonte: Moreira e Masini (1982, p. 17).

Imediatamente após a aprendizagem significativa, começa um segundo estágio de subsunção que é a *Assimilação obliteradora*, pois se torna mais simples e econômico reter apenas as ideias, conceitos e proposições mais gerais e estáveis do que as novas ideias assimiladas. O $A'a'$ reduz-se a A' .

Dois conceitos somam-se à Teoria de Aprendizagem significativa de Ausubel: aprendizagem subordinada e superordenada.

Na aprendizagem subordinada, considera-se que o processo que foi até aqui enfatizado, segundo o qual a nova informação adquire significado por meio da interação com subsunçores (subsunção subordinada), reflete uma relação de

subordinação da nova informação em relação à estrutura cognitiva preexistente. A esse tipo de aprendizagem dá-se o nome de subordinada. Ela ocorre quando um conceito ou proposição potencialmente significativo *a* é assimilado sob a ideia mais inclusiva *A*.

Quanto à aprendizagem superordenada, esta ocorre quando um conceito potencialmente significativo *A* mais geral do que ideias ou conceitos já estabelecidos na estrutura cognitiva *a*, *b* e *c* é aprendido a partir destes e passa a assimilá-los. As ideias *a*₁, *a*₂, *a*₃ são identificadas como instâncias mais específicas de uma nova ideia superordenada *A*, definida por um novo conjunto de atributos essenciais que abrange o das ideias subordinadas.

b) Diferenciação progressiva e reconciliação integrativa

Quando um novo conceito ou proposição é aprendido por subordinação, isto é, por um processo de interação e ancoragem em um conceito subsunçor, este também se modifica. A ocorrência desse processo, uma ou mais vezes, leva à diferenciação progressiva do conceito subsunçor. Na verdade, este é um processo quase sempre presente na aprendizagem significativa subordinada.

Por outro lado, na aprendizagem superordenada, ideias estabelecidas na estrutura cognitiva podem, no curso de novas aprendizagens, ser tanto reconhecidas como relacionadas. Assim, novas informações são adquiridas e elementos existentes na estrutura cognitiva podem reorganizar-se e adquirir novos significados. Esta recombinação de elementos previamente existentes na estrutura cognitiva é referida por Ausubel como reconciliação integrativa.

Esses são, portanto, dois processos relacionados que ocorrem durante a aprendizagem significativa: o primeiro (diferenciação progressiva), mais ligado à aprendizagem subordinada e o segundo (reconciliação integrativa), diz respeito à aprendizagem superordenada.

No fundo, toda aprendizagem que resultar em reconciliação integrativa resultará, também, em diferenciação progressiva adicional de conceitos e proposições, isto é, a reconciliação integrativa é uma forma de diferenciação progressiva da estrutura cognitiva que ocorre na aprendizagem significativa.

Logo, a diferenciação progressiva consiste no princípio pelo qual elementos mais gerais de um conceito são introduzidos em primeiro lugar e, posteriormente, este é progressivamente diferenciado em termos de detalhe e especificidade.

São duas as hipóteses em que Ausubel se baseia ao propor isto:

1º) É mais fácil para o ser humano captar aspectos diferenciados de um todo mais inclusivo, previamente aprendido, do que chegar ao todo a partir de suas partes diferenciadas.

2º) A organização do conteúdo de certa disciplina, na mente de um indivíduo, é uma estrutura hierárquica na qual as ideias mais inclusivas estão no topo da estrutura e, progressivamente, incorporam proposições, conceitos e fatos menos inclusivos e mais diferenciados.

A reconciliação integrativa é o princípio pelo qual a programação do material instrucional deve também explorar relações entre as ideias, apontar similaridades e diferenças importantes, reconciliando discrepâncias reais ou aparentes.

Segundo Ausubel, esses dois princípios podem, na prática, ser implementados através do uso de organizadores prévios adequados. Outra maneira de promover a diferenciação progressiva e a reconciliação integrativa é através da utilização de mapas conceituais (MOREIRA; BUCHWEITZ, 1993 apud MOREIRA, 1999).

2.5.3 O processo instrucional segundo os pressupostos teóricos de Ausubel

Como já citado anteriormente, do ponto de vista ausubeliano, o primeiro e mais importante fator cognitivo a ser considerado no processo instrucional é a estrutura cognitiva do aprendiz no momento da aprendizagem. É ela, tanto em termos de conteúdo como de organização, em certa área do conhecimento, o principal fator que influencia a aprendizagem significativa (e a possibilidade de retenção de informações nesta área).

A estrutura cognitiva, no entanto, pode ser influenciada de duas maneiras: 1) substantivamente, pela apresentação, ao aprendiz de conceitos e princípios unificadores, com maior poder explanatório e propriedades integradoras; 2) programaticamente, pelo emprego de métodos adequados de apresentação do conteúdo e utilização de princípios programáticos apropriados na organização sequencial do conteúdo de ensino.

Em termos de conteúdo, segundo o ponto de vista ausubeliano, a primeira e usualmente difícil tarefa é a identificação dos conceitos básicos a serem ensinados e

como eles serão estruturados. Uma vez solucionada essa questão, a atenção pode ser direcionada para outros aspectos.

Quanto à organização sequencial, Ausubel argumenta que a disponibilidade de ideias âncoras relevantes, para uso na aprendizagem significativa e na retenção das informações, pode, obviamente, ser maximizada se for tirado partido das dependências sequenciais naturais existentes na disciplina e do fato de que a compreensão de um dado tópico está relacionada. Além disso, Ausubel argumenta, também, que, insistindo na consolidação do que está sendo estudado, antes que novos conhecimentos sejam introduzidos, assegura-se uma contínua prontidão no conteúdo de ensino e sucesso na aprendizagem sequencialmente organizada.

Segundo Ausubel, há uma diferença entre a organização formal de um livro - a estruturação lógica e a representação organizada desse conteúdo na memória dos indivíduos particulares - a estrutura psicológica. Estas diferenças são fundamentais no momento em que se planeja qualquer estratégia didática levando em conta que o livro didático é um dos mais importantes recursos utilizados pelos professores no Brasil, como já evidenciaram pesquisas de Xavier et al. (2006).

Reforça-se, aqui, o princípio fundamental da teoria de Ausubel, de que “o fator isolado mais importante que influencia a aprendizagem é aquilo que o aluno já sabe”. Descubra isso e ensine-o de acordo (AUSUBEL, 1968, 1978, 1980 apud MOREIRA, 1999, p.163).

A ideia central da teoria de aprendizagem é a de que a aquisição de uma nova informação se dá através da aprendizagem significativa. Sendo a aprendizagem significativa um processo que depende principalmente das ideias relevantes que o sujeito já possui e se produz através da interação entre a nova informação e as ideias já existentes na estrutura cognitiva. Essa abordagem, segundo um constructo tipicamente cognitivista, “coloca ênfase na aquisição, armazenamento e organização de ideias no cérebro do indivíduo”, como afirma Faria (1995, p. 47).

A aprendizagem tem caráter idiossincrático, ou seja, o significado da aprendizagem é individual para cada pessoa, podendo mesmo ser radicalmente diferente entre alunos de um mesmo grupo. O indivíduo está em contato constante com novas informações e este movimento permite a apropriação de novos conceitos que passam a modificar ou alterar as concepções dos indivíduos.

Pode-se resumir duas ideias que marcam o trabalho de Ausubel: a) caráter cognitivo, através do qual é dada a importância para a integração dos novos conteúdos nas estruturas cognitivas prévias dos sujeitos, isto é, como já foi dito anteriormente, valorizar o que o aluno já sabe; b) caráter aplicado, centrado nos problemas e nos tipos de aprendizagem propostos em uma situação socialmente determinada, como é o espaço da sala de aula.

Na aprendizagem significativa, o conteúdo deve estar relacionado com o conhecimento prévio dos alunos e estes devem adotar uma atitude favorável, dotando de significado próprio os conteúdos que assimilam. Neste contexto, cabe ao professor organizar e sequenciar os conteúdos de forma que o aluno possa realizar uma aprendizagem significativa, encaixando novos conhecimentos em sua estrutura cognitiva prévia e evitando, portanto, a aprendizagem memorística.

2.5.4 Hierarquias conceituais

Para Ausubel, cada disciplina acadêmica tem uma estrutura articulada e hierarquicamente organizada em conceitos que constituem o seu sistema de informações.

Do ponto de vista ausubeliano, no topo dessa hierarquia estão os conceitos mais gerais e inclusivos e estes devem ser progressivamente diferenciados em conceitos mais específicos, pouco inclusivos.

A seguir um modelo de hierarquia conceitual com as direções recomendadas para a diferenciação progressiva e reconciliação integrativa.

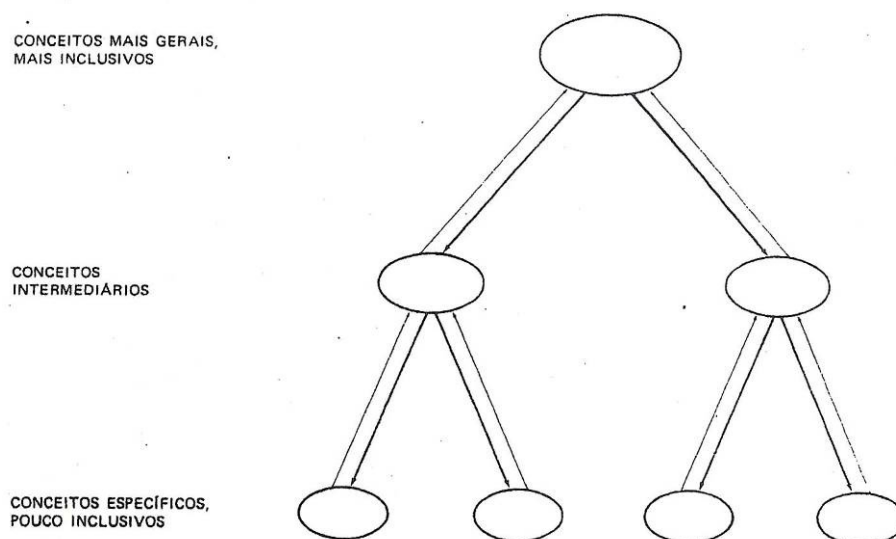


Figura 03 – Esquema dos mapas interativos
Fonte: Moreira e Masini (1982, p. 24)

Por outro lado, Novak (1977 apud MOREIRA; MASSINI, 1982), registra que, para atingir-se a reconciliação integrativa de forma mais eficaz, deve-se organizar o ensino “descendo e subindo” nas estruturas conceituais hierárquicas, à medida que a nova informação é apresentada.

Uma vez identificados os conceitos superordenados e subordinados de uma disciplina ou corpo de conhecimento, eles podem ser organizados hierarquicamente num diagrama bidimensional, chamado “mapa conceitual”.

2.6 Os mapas conceituais

Optou-se em utilizar, neste trabalho, mapas conceituais como recurso para análise dos conceitos relacionados a gene, DNA, proteínas e outros termos correlatos da Biologia Molecular, que serviram de subsídio teórico para a análise sobre o entendimento dos alunos antes e depois do desenvolvimento da UD.

2.6.1 Origem e conceituação dos mapas conceituais ou cognitivos

Os mapas conceituais têm a sua origem na obra de Joseph Novak (1990) intitulada *“Conceptual Mapping: a usefull for Science Education”*, resultado de pesquisas realizadas no Departamento de Educação da Universidade de Cornell, nos Estados Unidos, mais precisamente a partir da década de 70, dentro de um Programa de Educação em Ciências e Matemática (NOVAK, 1990).

Os mapas conceituais foram usados para estudar mudanças na compreensão dos alunos a respeito de conceitos de Ciências, durante um período escolar de doze anos (NOVAK; MUSSODA, 1990, apud NOVAK, 1990). Neste estudo, foi adotado o esquema de atendimento individualizado para as crianças das 1ª e 2ª séries (seis a oito anos de idade) em Ithaca, Nova York, durante os anos letivos de 1971 a 1982. Foram utilizados dois grupos de crianças nesta pesquisa, que contava com a cooperação de outros pesquisadores, principalmente a partir do momento de realizarem, com estas crianças, entrevistas clínicas do tipo piagetianas (PINES; NOVAK; POSNER; VANKIRK, 1978, apud MOREIRA, 1986). Um grupo recebeu atendimento individualizado com pouca informação sobre Ciências e outro que recebeu o mesmo atendimento, porém com maiores informações sobre Ciências. O objetivo dessa pesquisa consistia em determinar como ocorriam mudanças na compreensão dos conceitos de Ciências pelos alunos no decorrer de sua vida escolar, assim como observar como estruturas conceituais mudam em cada um com o passar do tempo. Os pesquisadores procuravam verificar o que as crianças sabiam antes e depois de receberem as lições e como o seu conhecimento mudava nos anos subsequentes.

Procurando tornar mais clara a ideia de mapa conceitual, e pelo fato de diversos autores terem trabalhado com mapas, é importante reportar a algumas conceituações propostas. Assim para Novak e Gowin (1988, p. 54) mapa conceitual “(...) é um diagrama hierárquico que procura refletir a organização conceitual de uma disciplina ou parte dela”.

A partir desta conceituação, utilizou-se uma definição que serviu de guia para o presente trabalho, baseada em Moreira (2006, p. 6) que na sua concepção os mapas conceituais de uma maneira ampla são “apenas diagramas que indicam relações entre os conceitos e que sua estrutura deriva da organização conceitual de

um conhecimento”. Mais recentemente, Novak e Cañas (2008) definiram mapas conceituais como ferramentas gráficas que visam organizar e representar o conhecimento. Também, reafirmam que são estruturados a partir de conceitos fundamentados com suas relações.

2.6.2 Utilidade dos mapas conceituais e regras para sua confecção

Os mapas conceituais podem ser utilizados de diversas formas. Em relação ao processo de ensino aprendizagem, pode-se utilizá-los na organização do trabalho do professor; na apresentação dos conceitos de forma inter-relacionada e na avaliação dos alunos.

Para construir um mapa não há um roteiro rígido, mas podem ser propostas sugestões que devem ser observadas na sua execução, enumeradas a seguir.

1. Delimitar os conceitos-chave da disciplina ou assunto que se quer mapear: em torno de seis a dez conceitos.

2. Ordenar os conceitos, hierarquicamente, dos mais gerais aos mais específicos, sendo que os mais gerais, mais inclusivos, localizam-se no topo da hierarquia e os menos inclusivos na base. Os que não são nem muito gerais nem muito específicos localizam-se numa posição intermediária no mapa, não havendo regras para a posição intermediária.

3. É conveniente que se incluam conceitos específicos no mapa.

4. Deve-se fazer conexão entre os conceitos, utilizando linhas e palavras-chave a fim de definir a relação entre eles.

5. Os exemplos específicos ficam localizados abaixo dos conceitos correspondentes, na parte inferior do mapa.

6. Ao se traçar, pela primeira vez, um mapa, geralmente o primeiro esboço do mapa é simples.

7. Como se afirmou anteriormente, não há uma maneira única, fixa, de fazer o mapa. Ele é uma estrutura dinâmica, pois, de acordo com a mudança de compreensão da inter-relação entre os conceitos, o mapa estará sempre mudando.

8. Deve-se evitar que o mapa fique muito complexo (pela inclusão de muitos conceitos e muitas ligações entre eles). Deve-se procurar apresentar as ideias de forma mais clara possível.

9. Mapas conceituais não são autossuficientes, por isso, sempre é necessário que sejam explicados por quem os fez, seja professor ou aluno. Pode-se reduzir um pouco a necessidade de explicação (mas não a excluindo totalmente) escrevendo nas linhas que unem os conceitos uma ou duas palavras-chave que explicitem a relação simbolizada pelas linhas.

Cada mapa conceitual elaborado deve ser visto como “um” mapa conceitual e não “o” mapa conceitual. Esta diferenciação de “um” e “o” se explica porque qualquer mapa conceitual deve ser visto apenas como uma das possibilidades de representação de um determinado conteúdo ou disciplina, pois o mesmo vai depender do estágio cognitivo em que se encontra o seu executor no momento de traçá-lo.

Os conceitos não se encontram isolados, mas relacionados em sistemas que vão apresentar uma significação e uma organização que vai de conceitos subordinados a supraordinados (BRUNER, 1963 apud NOVAK, 1990; AUSUBEL, 1993; GAGNÉ, 1970; LAWSON, 1958; NOVAK et al., 1983; PREECE, 1978; SUPPES, 1968; JEGEDE, 1988, apud LAWSON, 1994), isto é, estes sistemas de conceitos inter-relacionados são denominados sistemas conceituais.

Assim, no presente trabalho, os mapas conceituais foram utilizados para analisar as relações genes - DNA - proteínas, durante o desenvolvimento da UD, primeiramente como pré-teste na PI e, posteriormente, como pós-teste na AC.

2.6.3 Tipos de mapas conceituais

Os mapas conceituais podem ser classificados, de maneira geral, de acordo com a representação dimensional: Assim, temos mapas de uma (unidimensional), duas (bidimensional), três (tridimensional) ou mais dimensões.

Os mapas unidimensionais, na verdade, são listas de conceitos que tendem a apresentar uma organização linear vertical. Por exemplo: um mapa sobre o tema síntese de proteínas teria a seguinte representação:

DNA - RNA - Proteínas - expressão gênica.

Os mapas tridimensionais ou de mais dimensões, embora ofereçam amplas possibilidades de representação de estruturas conceituais, são difíceis de serem traçados e têm limitada utilidade prática. Os mapas bidimensionais são aqueles que oferecem maiores vantagens, do ponto de vista didático, além de serem mais simples. Como a maioria dos autores, optou-se em trabalhar com os bidimensionais.

Na figura 04, é apresentado um modelo bidimensional baseado em Ausubel (1982). Nesse modelo, os conceitos mais gerais e inclusivos estão no topo da hierarquia e os mais específicos e pouco abrangentes na base.

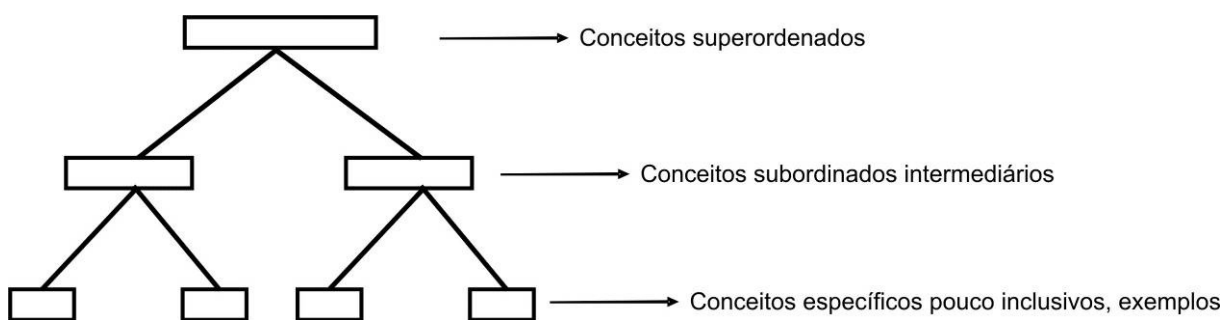


Figura 04 – Modelo de mapeamento conceitual segundo a ideia de Ausubel
Fonte: Moreira e Masini (1982, p. 47).

Os conceitos não se constituem em estruturas isoladas, mas encontram-se relacionados em sistemas de significados, os quais apresentam uma série contínua de graus que vão do mais amplo ao mais específico.

A opção em utilizar mapas conceituais, neste trabalho, deveu-se ao fato de os mesmos permitirem uma melhor visualização no que diz respeito às pré-concepções que os alunos tinham no pré-teste e avaliar se, após o desenvolvimento desta UD, houve mudanças conceituais no pós-teste.

2.6.4 O uso dos mapas conceituais como instrumento de avaliação

Os mapas conceituais são instrumentos que favorecem uma avaliação qualitativa, pois são produções individuais, sendo aconselhável que o executor do mapa faça uma arguição oral do mesmo.

Salienta-se que os mapas elaborados pelos seis (06) alunos que participaram desta pesquisa não foram apresentados oralmente, apenas procedeu-se à análise visual do desenho dos mesmos baseados no sistema de pontuação proposto por Novak e Gowin (1996).

Uma das questões ressaltadas por Joseph Novak era a de que os mapas se prestavam mais para uma procura de alterações qualitativas e, por isto, considerava-se irrelevante atribuir-lhes valores. Entretanto, havia uma preocupação manifesta por aqueles que os utilizavam, em conferir-lhes uma nota. Sendo assim, Novak (1996 apud ALMEIDA, 2003) implementou 4 critérios baseados na teoria cognitiva de Ausubel: proposições, hierarquias, ligações cruzadas e exemplos, que possibilitam uma avaliação em termos de pontuações dos mapas.

As proposições são as relações entre os conceitos. O professor deve verificar se as palavras-chave que ligam os dois conceitos refletem significados entre eles e se a relação é verdadeira, ou seja, se há validade conceitual. Linhas que conectam conceitos sugerem relações entre os mesmos, inclusive relações horizontais.

No critério hierarquia, deve-se verificar a validade das relações entre os conceitos mais inclusivos ou mais gerais (que devem estar acima ou em destaque) aos mais subordinados ou mais específicos, que estariam localizados abaixo destes. Devendo ser observadas, também, as ligações cruzadas ou transversais que apresentam um critério de transversalidade ao mapa, ligando segmentos opostos horizontalmente. As ligações cruzadas ligam validamente segmentos horizontais opostos e representam maior grau de compreensão, quando são simultaneamente significativas e válidas, expressando síntese de proposições ou conceitos relacionados. Caso apresentem apenas um dos critérios (significativa ou válida) a pontuação será menor. Existe a possibilidade de que o aluno faça uma ligação que seja criativa ou peculiar, demonstrando, assim, sua criatividade.

As regras de pontuação dos mapas, de maneira geral, estão de acordo com as quatro especificações propostas por Novak, apresentadas abaixo no Quadro 01, baseadas no trabalho de Almeida et al. (2003).

Critérios classificatórios	Pontuação de acordo com cada característica dos critérios classificatórios
Proposições (ligação entre dois conceitos): se for válida e significativa	01
Hierarquia: cada nível válido	05
Ligações transversais: cada ligação se for válida e significativa	10
Somente válida	01
Ligação peculiar ou criativa	02
Exemplos: cada exemplo válido	01

Quadro 01 – Pontuação para mapas conceituais

Fonte: Adaptado de Almeida et al. (2003)

O quadro 01, de uma maneira geral, serve como modelo para atribuir valores aos mapas conceituais, de acordo com a validade das representações e seu significado entre os conceitos. A seguir, para tornar mais claros os critérios descritos acima, apresenta-se um exemplo (Figura 05) da estruturação de um mapa conceitual para a pontuação.

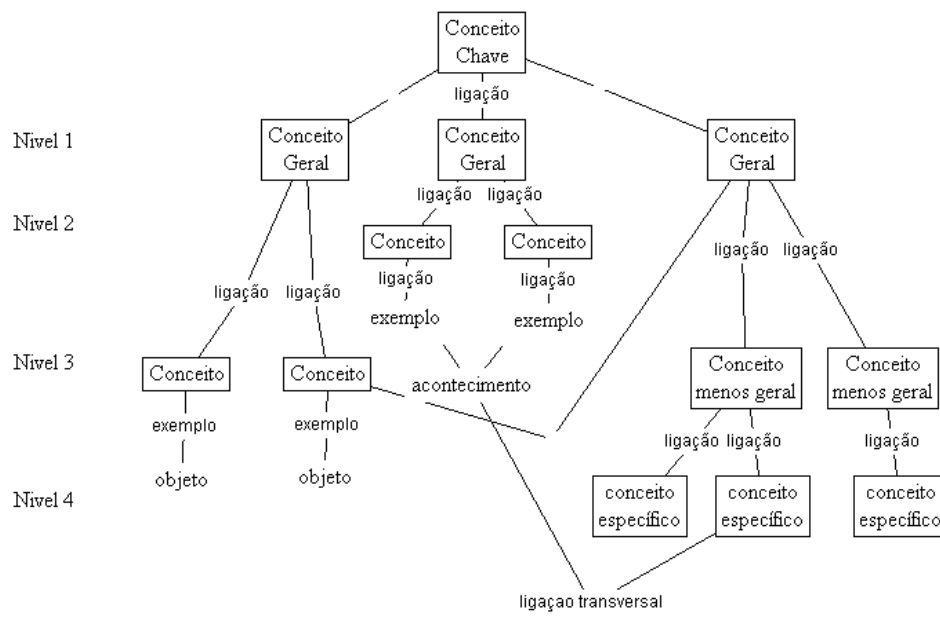


Figura 05 – Esquema de um exemplo de mapa conceitual para a pontuação
 Fonte: Novak e Gowin (1996 apud ALMEIDA, 2003, p. 53)

3 METODOLOGIA

3.1 Abordagem qualitativa da pesquisa

Bogdan e Biklen (1994) descrevem cinco características na abordagem qualitativa. Primeiro, que em tal investigação a fonte direta de dados é o ambiente natural e o investigador o instrumento principal; em segundo, a investigação qualitativa é descritiva, pois os pesquisadores qualitativos tentam analisar os dados em toda a sua riqueza; terceiro, os investigadores qualitativos interessam-se mais pelo processo do que simplesmente pelos resultados ou produtos. A quarta característica está no investigador construir um quadro que vai ganhando forma à medida que se recolhem e examinam as partes; a quinta e última característica refere-se ao “significado”, isto é, o investigador qualitativo questiona os sujeitos da investigação, com o objetivo de perceber aquilo que eles “experimentam, como eles interpretam as suas experiências e o modo como eles próprios estruturam o mundo social em que vivem” (BOGDAN; BIKLEN, 1994, p. 47).

Portanto, quando nos preocupamos com significados, estamos buscando fundamentos teóricos para explicá-los. Também é importante, na pesquisa qualitativa, a obtenção de dados descritivos, onde se possa retratar, mostrar, evidenciar a situação em que se encontram os participantes da pesquisa.

3.1.1 Estrutura da Unidade Didática (UD)

A UD foi estruturada na forma de um Caderno Didático composto por onze (11) planejamentos instrucionais e organizados da seguinte forma:

1ª parte - Problematização Inicial (PI) = 2 horas/aula.

Envolvendo uma série de pré-testes:

- 01 teste com construção de mapas conceituais, procedeu-se da seguinte forma: Escolheu-se previamente, sete (7) palavras relacionadas e conceitos

correlatos à síntese de proteínas, que foram apresentados em pequenos retângulos de cartolina: Genes - DNA - RNA - proteínas - enzimas - aminoácidos e hormônios, colocados em um envelope e distribuídos aos 06 alunos. Eles deveriam colar estas palavras - conceitos de acordo com as suas concepções em relação à ordem de pertinência e, hierarquia entre os mesmos.

- 06 testes com questões de múltipla escolha e respostas abertas (Anexos D, E, F, G, H e I) baseados em exercícios habitualmente presentes nos livros didáticos do ensino médio.

2ª parte - Organização do Conhecimento (OC) = 16 horas/aula.

- Plano didático 01 (PD 01): Conteúdos teóricos sobre Proteínas (composição química, estrutura das proteínas, ligação peptídica, função das proteínas, nome e símbolos dos 20 aminoácidos).

- Plano didático 02 (PD 02): Atividade prática sobre proteínas, utilizando miçangas e arames (montagem da enzima ribonuclease bovina).

- Plano didático 03 (PD 03): Conteúdos teóricos sobre síntese proteica e código genético: molécula de DNA, conceito de gene, RNA e tipos de RNA, etapas da síntese proteica.

- Plano didático 04 (PD 04): Aula prática simulando a síntese proteica do hormônio do crescimento (Growth Hormone - GH), utilizando miçangas e cartolinas baseada no *site* <<http://www.arrakis.es/~ibrabida/biologia.html>>¹³ Acrescenta-se que o material foi previamente preparado pela pesquisadora para um melhor aproveitamento do tempo previsto.

- Plano didático 05 (PD 05): Atividade didática envolvendo figuras de pessoas adultas com alturas diferentes para que os alunos identifiquem e discutam os distúrbios relacionados ao hormônio do crescimento. Além disso, o aluno deveria fazer um inventário das alturas junto aos membros da sua família. Este trabalho foi dado como tema para ser realizado em casa pelos alunos (2 horas/aula).

- Plano didático 06 (PD 06): Utilização do “learning objects” do *website*: <http://genetics.learning.utah>; tour the basics, DNA to protein, Heredity & traits para revisão dos conceitos básicos ligados a síntese de proteínas.

¹³ Las moléculas de la vida, práctica inicial: Síntesis de la Hormona del Crecimiento na página de Lourdes Luengo-Espanha.

- Plano didático 07 (PD 07): Conteúdos teóricos sobre cromossomos e genes: Um gene-uma enzima, Um gene-um polipeptídio, um gene - várias proteínas, éxons (expressed regions) e íntrons (intragenic regions), síntese do DNA complementar, o cDNA. Esquema do cariótipo humano demonstrando os 23 pares de cromossomos identificando a posição de alguns genes relacionando-os a algumas doenças hereditárias conhecidas.

- Plano didático 08 (PD 08): Apresentação sucinta da contribuição de Gregor Mendel para as leis da hereditariedade. Instrução sobre a técnica para montagem de genealogias e/ou herodogramas. Exemplo de resolução de problema utilizando a Acondroplasia.

- Plano didático 09 (PD 09): Apresentação aos alunos de extratos de textos retirados do site www.odnaviaiescola.com.br com assuntos referentes a Bioinformática, bancos genômicos e GenBank. Também, neste planejamento instrucional, constou uma visita dos alunos ao laboratório de Biologia Molecular (LabDros) da UFSM/RS, com a finalidade de conhecerem os recursos utilizados pelos geneticistas para a deposição das sequências gênicas no GenBank.

- Plano didático 10 (PD 10): Utilização de um roteiro tipo passo a passo sobre como acessar o NCBI utilizando os *links*: OMIM, Entrez Gene, Ref.Seq, Protein e Nomenclature (ROSA; LORETO, 2010). Em todas as ferramentas foi utilizado, como exemplo, o hormônio do crescimento (www.slidesshare.net/rosanetrn).

3ª Parte - Aplicação do Conhecimento (AC) = 2 horas/aula.

Neste momento, denominado AC, aborda-se, sistematicamente, o conhecimento que vem sendo incorporado, para analisar e interpretar, tanto as situações iniciais que determinaram o seu estudo, como outras situações que não estejam diretamente ligadas ao motivo inicial, mas que são explicadas pelo mesmo conhecimento.

Plano didático 11 - (PD 11): Utilizou-se três ações:

1ª ação: Aplicação dos pós-testes:

- um (1) com construção de mapas conceituais, solicitou-se neste momento que os alunos fizessem novos mapas sobre os conceitos anteriormente recebidos. Assim sendo, foram distribuídas folhas de papel em branco, cola e um envelope, contendo o mesmo conjunto de 07 palavras - conceitos em pequenos quadrinhos distribuídos anteriormente como pré-testes na PI.

- seis (6) com questões de múltipla escolha e questões abertas (Anexos D, E, F, G, H e I), os mesmos da PI.

2ª ação: Os alunos da pesquisa assistiram a um filme de 15 minutos do episódio da série “Little People Big World: The Family Roloff” (<http://www.youtube.com/watch?v=7w8cmWw3vQs>), que foi uma série transmitida pelo canal de assinatura Discovery Home & Health. Semanalmente, nessa série era apresentada uma visão real da vida das pessoas de estatura pequena. (<http://www.discoverybrasil.com/homeandhealth/na-tv/a-pequena-grande-familia>).

Também, um resumo escrito proporcionou aos alunos as descrições do tipo de nanismo de que os pais e um dos filhos são portadores. Em seguida, os alunos deveriam consultar os *sites* do GenBank e, proceder à pesquisa sobre as patologias desta família ligada ao hormônio do crescimento.

Após, pesquisaram as doenças relacionadas ao Hormônio do Crescimento, que alguns membros desta família apresentam (Acondroplasia e Displasia) utilizando o GenBank/NCBI e as ferramentas OMIM, Entrez Gene, Ref. Seq, Nomenclature e Protein. Também montaram a genealogia dos Roloff. O fruto das suas pesquisas parte realizado no laboratório de informática do CMSM e parte em casa (atividade não presencial contado como 2 horas/aula) foi enviado para o endereço eletrônico da pesquisadora (rosanetr@hotmail.com).

3ª ação: Utilizando novamente os *links* OMIM, Entrez Gene, Nomenclature, Ref.Seq.e Protein os alunos localizaram os genes BRCA1 e LIMD1 (que estavam nas reportagens de jornais nos testes V e VI). Esta tarefa foi realizada em casa pelos alunos e da mesma forma que a anterior, enviada para o endereço eletrônico da pesquisadora (2 horas/aula).

A 4ª ação constou de duas partes, primeiramente uma entrevista coletiva de 15 minutos imediatamente ao término do desenvolvimento da UD. Na segunda parte concretizaram-se as entrevistas individuais dos alunos não contabilizadas nas 20 horas/aula presenciais da UD. As entrevistas foram agendadas uma semana depois do encerramento da UD no laboratório de Biologia do CMSM.

3.1.2 Cronograma da UD = Dos genes às proteínas: explorando o GenBank com alunos do ensino médio

Eventos – assuntos	2009				2010	
	set	out	nov	dez	jan	Fev
Aplicação pré-teste	x					
As proteínas: fórmulas, tipos de proteínas, funções - (PD 01)		x				
Montagem dos modelos de proteínas - (PD 02)		x				
Síntese de proteínas. Moléculas de DNA, RNA, tipos de RNA, Código Genético - (PD 03)		x				
Aula prática sobre Síntese de proteínas - (PD 04) Atividade sobre o hormônio do crescimento - (PD 05) Revido conceitos básicos no site “ <i>Learn Genetics Utah</i> ” - (PD 06)		x				
Cromossomos e genes - (PD 07) Genealogias e heredogramas - (PD 08) Introdução a Bioinformática - (PD 09)			x			
Visita ao Laboratório de Biologia Molecular-LabDros - (PD 09)			x			
Explorando o GenBank: Procurando o Growth Hormone (PD 10)			x			
Explorando o GenBank - (PD 10)			x			
Aplicação dos pós-testes -1ª ação - (PD 11) Laboratório de Informática do CMSM - 2ª ação - (PD 11) 3ª ação – Tarefa para casa Entrevista coletiva - 4ª ação (15 minutos)				X		
Entrevistas individuais				X		
Análise da UD					x	X

Quadro 2 – Cronograma de eventos e planejamentos instrucionais da UD

3.1.3 Procedimentos e instrumentos de coleta de dados

Nos pré-teses e pós-testes foram formuladas questões fechadas de múltipla escolha e de única escolha e algumas questões abertas. Também foi utilizada a construção de mapas conceituais, assim como entrevistas semiestruturadas.

3.1.3.1 Entrevista semiestruturada

A entrevista é uma das principais técnicas de pesquisa utilizadas nas Ciências Sociais. Desempenha importante papel não apenas nas atividades científicas como em muitas outras atividades humanas. Em geral, a duração da entrevista é flexível e depende das circunstâncias que rodeiam o informante e o teor do assunto em estudo.

Além disso, a entrevista é importante porque permite correções e esclarecimentos, captação imediata e coerente da informação desejada, praticamente com qualquer tipo de informante e sobre os mais variados tópicos. Nesta pesquisa, a entrevista foi utilizada porque, em geral, as informações novas poderão beneficiar o entrevistador e também o entrevistado, contribuindo para um entendimento mais apurado das questões de investigação. Outro aspecto positivo é que a pesquisa qualitativa pode responder a questões particulares. No caso desta pesquisa: Quais seriam as possibilidades da inserção do GenBank no ensino médio como recurso integrador dos conceitos de gene, DNA e proteínas?

Segundo Lüdke e André (1986, p. 33-34), em uma entrevista

a relação que se cria é de interação, havendo uma atmosfera de influência recíproca entre quem pergunta e quem responde. Especialmente nas entrevistas não totalmente estruturadas, onde não há a imposição de uma ordem rígida de questões, o entrevistado discorre sobre o tema proposto com base nas informações que ele detém e que no fundo são a verdadeira razão da entrevista.

Para as autoras referidas acima, quando existe um ambiente de aceitação mútua, os assuntos pertinentes à entrevista ocorrem naturalmente, sem

constrangimentos entre entrevistado e entrevistador, ocasionando, assim, um clima de estímulo e reciprocidade. As informações fluem de maneira notável e elucidativa.

Portanto, a entrevista semiestruturada se desenrola a partir de um esquema básico, permitindo que o entrevistador faça as necessárias adaptações.

Como nos coloca Triviños (2007, p. 146):

Podemos entender a entrevista semi-estruturada, em geral, aquela que parte de certos questionamentos básicos, apoiados em teorias e hipóteses, que interessam à pesquisa e que, em seguida, oferecem amplo campo de interrogativas, fruto de novas hipóteses que vão surgindo à medida que se recebem as respostas do informante. Desta maneira, o informante seguindo espontaneamente a linha de seus pensamentos e de suas experiências dentro do foco principal colocado pelo investigador, começa a participar na elaboração do conteúdo da pesquisa.

Nesse contexto, a entrevista semiestruturada é conduzida com base em questões abertas que definem a área a ser explorada, pelo menos inicialmente e a partir da qual o entrevistador pode divergir a fim de prosseguir com uma ideia ou respostas em maiores detalhes. A entrevista pode ser individual ou grupal. Os sujeitos, individualmente, poderão ser submetidos a várias entrevistas, não só com o intuito de obter o máximo de informações, mas também para avaliar as variações de respostas em diferentes momentos.

As seguintes questões balizaram tanto as entrevistas individuais quanto a entrevista coletiva:

Questão 01 - Qual o conhecimento que você tinha sobre a bioinformática?

Questão 02 - Quais as dificuldades que você sentiu ao acessar o *site* do NCBI?

Questão 03 - Foi possível uma integração dos conceitos de DNA, gene e proteína através do NCBI?

Questão 04 - Qual a sua opinião sobre o trabalho realizado neste semestre?

3.1.3.2 *Pré-testes e pós-testes*

Um dos instrumentos mais utilizados em pesquisa quantitativa, normalmente é de múltipla escolha. São instrumentos com perguntas escritas para tratar os principais assuntos de um determinado tema.

O pré-teste é aplicado antes da instrução, frequentemente na 1ª reunião com os alunos. Já o pós-teste é aplicado no final do curso, sendo normalmente o mesmo instrumento. As perguntas são relacionadas com o objetivo do curso, podendo ser construídas questões com base no conteúdo do curso ou independentes de conteúdos particulares que forem abordados no curso.

Sobre essa questão, Sundberg (2002, p.12) opina que:

a vantagem é que são semelhantes às provas que os alunos realizam, e os resultados numéricos podem ser analisados estatisticamente. A desvantagem é que são avaliações muito semelhantes ao cotidiano dos alunos e em alguns casos esta "familiaridade" pode gerar desprezo tanto pelos alunos quanto pelo instrutor.

Quanto à questão da confiabilidade dos dados obtidos, os pré-testes geralmente têm maior confiabilidade pela própria ingenuidade dos alunos, pois para eles parece uma prova e levam a sério. Já no pós-teste a confiabilidade pode ser questionável quando os alunos sabem que não vai afetar a sua nota no curso.

3.1.3.3 Mapas conceituais

O mapa conceitual é uma ferramenta originalmente concebida para investigar como os alunos aprendem, podendo ser utilizados para uma variedade de fins, incluindo a avaliação (MINTZES et al., 1991; NOVAK; GOWIN, 1984 apud SUNDBERG, 2002). Para construir um mapa conceitual, os alunos devem primeiro identificar os conceitos-chave que foram abordados e, em seguida, indicar as relações entre os conceitos.

A vantagem do uso do mapa conceitual é que podem ser produzidos simultaneamente por toda classe. Os mapas de conceito tornam-se um registro permanente do estudante para compreensão em um determinado momento, que é útil para mostrar mudanças ocorridas na mesma. As desvantagens estão representadas nos seguintes questionamentos: Quem vai aplicar, isto é, o professor deve dominar a técnica e ensiná-la; os alunos têm que serem ensinados a construí-los, logo, é um processo que pode levar um período de aula, é necessário tempo de interação para o uso em sala de aula. Acrescenta-se que nesta pesquisa não foi necessário esse tempo, uma vez que os alunos do CMSM já estavam habituados ao

uso de mapas conceituais, em razão dos mesmos fazerem parte dos livros didáticos adotados pelo SCMB.

3.2 Análise dos dados

A análise é o processo de ordenação dos dados, organizando-os em padrões, categorias e unidades básicas descritivas. A interpretação envolve a atribuição de significados à análise, explicando os padrões encontrados e procurando por relacionamentos entre si. Nas pesquisas qualitativas, os dados são desmembrados em unidades menores e agrupados em categorias que se relacionam entre si, de forma a destacar padrões, temas e conceitos (BARDIN, 1977).

Ao longo da pesquisa foram elaboradas categorias. A construção das categorias “é uma espécie de gaveta ou rubrica significativa que permitem a classificação dos elementos de significação constitutiva da mensagem” (BARDIN, 1977, p. 37). A finalidade da classificação por categorias está em deduzir determinados dados a respeito das necessidades. Bardin (1977, p. 96) descreve três fases da análise de conteúdo: 1^o) a pré-análise onde ocorrem a organização, a escolha dos documentos, a formulação das hipóteses, dos objetivos e o universo demarcado; 2^o) a fase da referenciação dos índices e 3^a) a etapa que é a elaboração de indicadores. O índice pode ser a menção explícita de um tema (palavra), numa mensagem. O autor salienta ainda que “uma vez escolhidos os índices, inicia-se a construção de indicadores... *recorte do texto* em unidades comparáveis de *categorização* para análise temática e a de modalidade de *codificação* para o registro dos dados” (p.100).

Na fase da exploração do material, deve-se codificar os materiais encontrados até então na pesquisa. Segundo Holsti (apud BARDIN, 1977, p. 103) “a codificação é o processo pelo qual os dados brutos são transformados sistematicamente e agregados em unidades, as quais permitem uma descrição exata das características pertinentes do conteúdo”.

Na última fase, que se refere ao tratamento dos indicadores, o analista deve propor inferências e interpretações a partir dos resultados significativos fiéis da pesquisa. Geralmente, os procedimentos de análise são organizados a partir de

categorização. Categorias na pesquisa são termos ou conceitos que abrangem características comuns entre os participantes da pesquisa. Neste sentido, através das categorias, buscou-se agrupar ideias. As categorias foram construídas à medida que foram sendo analisadas as respostas dos participantes da pesquisa.

3.3 Procedimentos de coleta e análise de dados

A presente pesquisa se desenvolveu de acordo com as seguintes etapas:

Como parte empírica da pesquisa, realizou-se:

- Contato com o comando do CMSM, a fim de se obter a autorização para executar o projeto no CMSM (Apêndice A);
- Contato com a coordenação pedagógica do Colégio, para estabelecer um melhor momento para convidar os alunos para participarem da pesquisa e uma reunião com os pais dos alunos voluntários;
- Reunião com os alunos voluntários e com os seus pais para elucidar o Termo de Consentimento Livre e Esclarecido -TCLE (Anexo A);
- Coleta de dados, obtida através de pré-testes (PI) e pós-testes (AC) sobre os conteúdos em questão: DNA, genes e síntese proteica (Anexos D, E, F, G, H e I). Entre a aplicação dos pré e dos pós-testes houve a implementação da UD junto ao grupo de alunos. Atividade essa com 20 horas/aula de duração presencial e outras 05 horas não presenciais.
- Também foram coletados dados no final da aplicação da UD a partir de duas entrevistas semiestruturadas. A primeira, feita com o grupo de alunos (Apêndice B) e, a segunda, individualmente (Apêndice C). As respostas destas entrevistas foram gravadas.

Os dados coletados ficaram sob responsabilidade do pesquisador, sendo os mesmos utilizados exclusivamente para fins científicos sem que os sujeitos sejam identificados, garantindo, assim, o anonimato.

3.4 Apresentando o grupo de estudo e as etapas da coleta dos dados

A população amostra foi composta por seis alunos voluntários do 2º ano do Ensino Médio do CMSM/RS. O grupo era formado por cinco meninas e um menino na faixa etária de 15 a 16 anos. Para preservar suas identidades, utilizou-se a ordem numérica do SCMB. Este número serviu de critério para ordená-los como aluno 1, 2, 3, 4, 5, e 6.

3.5 Etapas da coleta e análise dos dados

A coleta e análise dos dados constaram de três etapas, que foram as seguintes:

3.5.1 Primeira etapa: mapas conceituais

Na primeira aula da UD, denominada PI, foi dada uma breve explicação sobre o que são mapas conceituais e como podem ser organizados. Para os alunos não era algo estranho, pois o livro adotado na disciplina de Biologia no SCMB traz modelos de elaboração de mapas conceituais.

A dinâmica da aplicação desses mapas, que foram usados inicialmente como pré-testes, ocorreu da seguinte forma: foram distribuídas folhas de papel ofício em branco, um tubo de cola para cada um e um envelope contendo um conjunto de palavras-conceitos em pequenos quadrinhos relativos à relação genes-proteínas. Sem muitas explicações sobre o assunto, os alunos colocaram os conceitos de acordo com as suas concepções e, após, os mesmos foram entregues a pesquisadora.

No término da UD, os alunos receberam novamente o envelope e montaram os mapas conceituais sobre a relação genes-proteínas que constituíram os pós-testes que serviram de subsídios para análise dos resultados da AC. Para a pontuação dos mapas, utilizou-se uma tabela baseada em Novak e Gowin (1996) a qual está descrita no referencial teórico desta pesquisa.

Tabela 01 – Pontuação do Mapa Conceitual de Referência (MCR) de acordo com a figura 06.

Crítérios classificatórios	Mapa Conceitual de referência (MCR)
a) Proposições (ligações entre dois conceitos) cada ligação se for válida e significativa	07
b) Hierarquia: cada nível	05 x 5
c) Ligações transversais: cada ligação se for válida e significativa - Somente válida - Ligação peculiar ou criativa	02 x 10
d) Exemplos: cada exemplo válido	0
Pontuação	52 pontos

Na figura 06, apresenta-se um modelo de mapa de referência, representando o conhecimento cientificamente aceito e, ensinado, na relação DNA - RNA - Proteínas.

Mapas traçados por diferentes especialistas em uma mesma área do conhecimento, provavelmente, refletirão em pequenas diferenças de compreensão e interpretação das relações entre conceitos - chaves dessa área (MOREIRA, 2006).

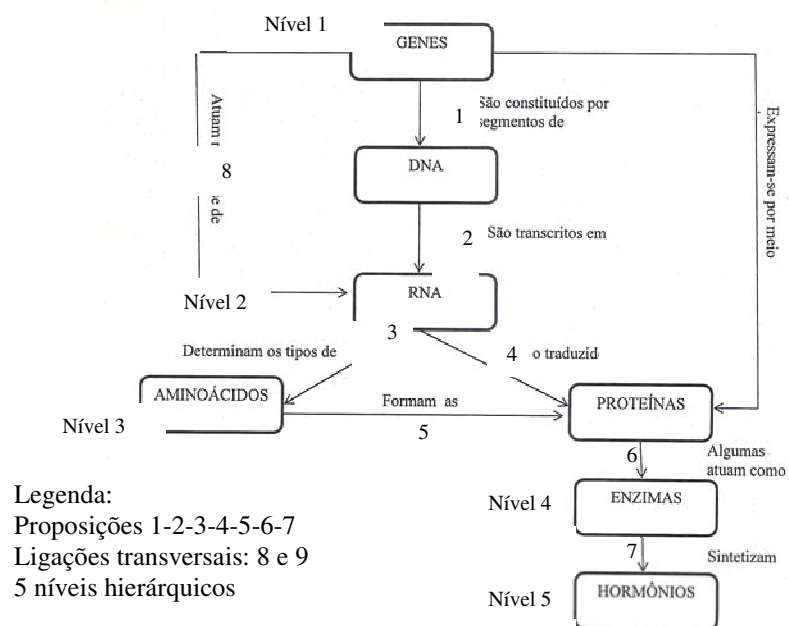


Figura 06 – Mapa de referência elaborado para a relação DNA-RNA-proteínas

Na figura anterior é possível visualizar a demonstração das relações julgadas válidas conceitualmente e significativas para a representação da relação DNA-RNA-proteínas. Este mapa foi utilizado como referência para correção dos mapas conceituais elaborados pelos alunos no pré e pós-testes, avaliando, dessa forma, o grau de conhecimento dos mesmos sobre a relação acima traçada. Na tabela a seguir, as categorias retiradas do mapa de referência.

Tabela 02 – Categorias retiradas do mapa conceitual de referência

Categorias	Descrição
01	Genes são constituídos por segmentos da molécula de DNA, são sequências de ácidos nucleicos com informação hereditária
02	O DNA contém informações para a síntese de um RNA ou proteína.
03	O RNA é sintetizado a partir de um modelo de DNA, processo chamado transcrição gênica.
04	O RNA determina os tipos de aminoácidos e a sequência em que eles devem se unir para formar a cadeia polipeptídica de uma proteína.
05	Os aminoácidos compõem as proteínas.
06	As proteínas, às vezes, atuam como enzimas ou hormônios.
07	Enzimas catalisam reações químicas, algumas por exemplo, sintetizando hormônios.
08	Proteínas estruturam e fazem funcionar o organismo, e, às vezes, atuam como hormônios.

3.5.2 Segunda etapa: pré e pós-testes

Foram elaborados 6 testes (pré-testes e pós-testes) que serviram de subsídios na PI e na AC.

Os testes foram numerados de I a VI e receberam os seguintes títulos, de acordo com os assuntos abordados e focados no conteúdo sobre síntese de proteínas:

Teste I = Proteínas.

Teste II = Reconhecendo gene, DNA e síntese de proteínas.

Teste III = Síntese de proteínas.

Teste IV = Identificação de um Gene.

Teste V = Encontrando o Gene LIMD1.

Teste VI = Reconhecendo o Gene BRCA1 e o PGH.

Estes testes tiveram por finalidade uma análise comparativa do conhecimento anterior e posterior ao desenvolvimento da UD por parte dos alunos que constituíram a população amostra nesta pesquisa.

3.5.3 Terceira etapa: Análise das entrevistas dos alunos

Após o término das ações relativas à implementação da UD foi realizada entrevista com o grupo de alunos e, em seguida, foram agendadas entrevistas individuais. Todas as entrevistas foram gravadas e tiveram como local o laboratório de Biologia do CMSM. As seguintes questões balizaram tanto as entrevistas individuais quanto a entrevista coletiva:

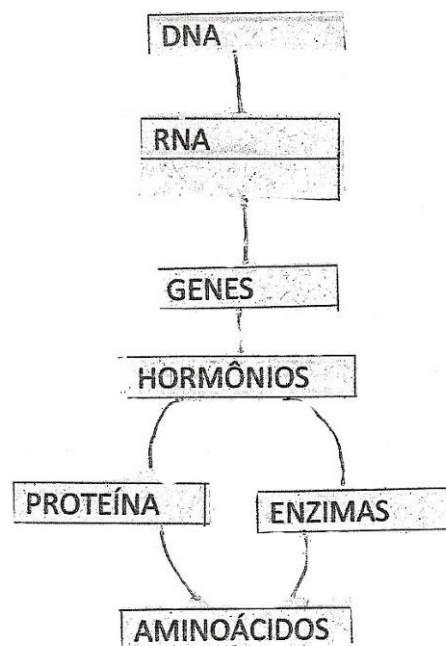
- 1) Qual o nível de informação que você tinha sobre a bioinformática e dos termos correlatos a esta área?
 - 2) Quais as dificuldades que você sentiu ao acessar o *site*?
 - 3) Você percebeu a integração dos conceitos DNA, Gene e Proteína através do GenBank (NBCI)?
 - 4) Qual a sua opinião sobre o trabalho realizado neste semestre?
- As integras dessas entrevistas constam nos apêndices B e C.

4 ANÁLISE E DISCUSSÃO DOS DADOS

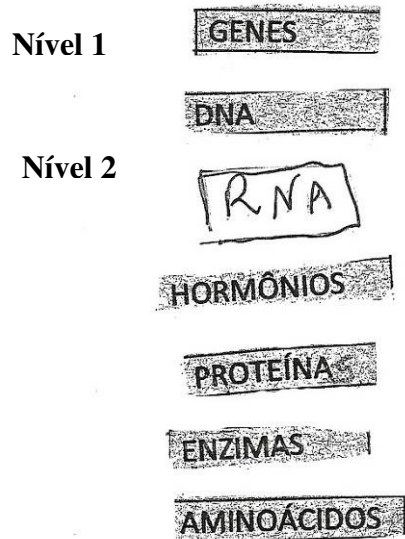
A análise dos dados constou de três etapas como já referido anteriormente: a) análise dos mapas conceituais, b) pré e pós-testes, c) entrevistas dos alunos no coletivo e individual após o desenvolvimento da UD.

4.1 A análise dos mapas conceituais

Aluno 1 - Pré-teste:



Aluno 1 - Pós-teste: (10 pontos)



O aluno 1, no seu pós-teste, simplesmente colou as palavras-conceito genes e DNA próximas, idêntico procedimento realizado com proteínas e enzimas. No seu mapa, este aluno representa apenas dois níveis hierárquicos corretamente. Ayuso e Banet (2002) apontaram que os alunos apresentam dificuldades em localizar as informações hereditárias, o que se constituiu num obstáculo muito importante para a compreensão dos aspectos básicos da herança biológica. Este aluno não identificou a conexão gene-DNA, conforme problemas já apontados por Carneiro e Silveira (2004), no qual alunos do ensino médio não reconheceram a relação célula-cromossomo-gene-DNA.

Aluno 2 - Pré-teste:

GENES

PROTEÍNA

DNA

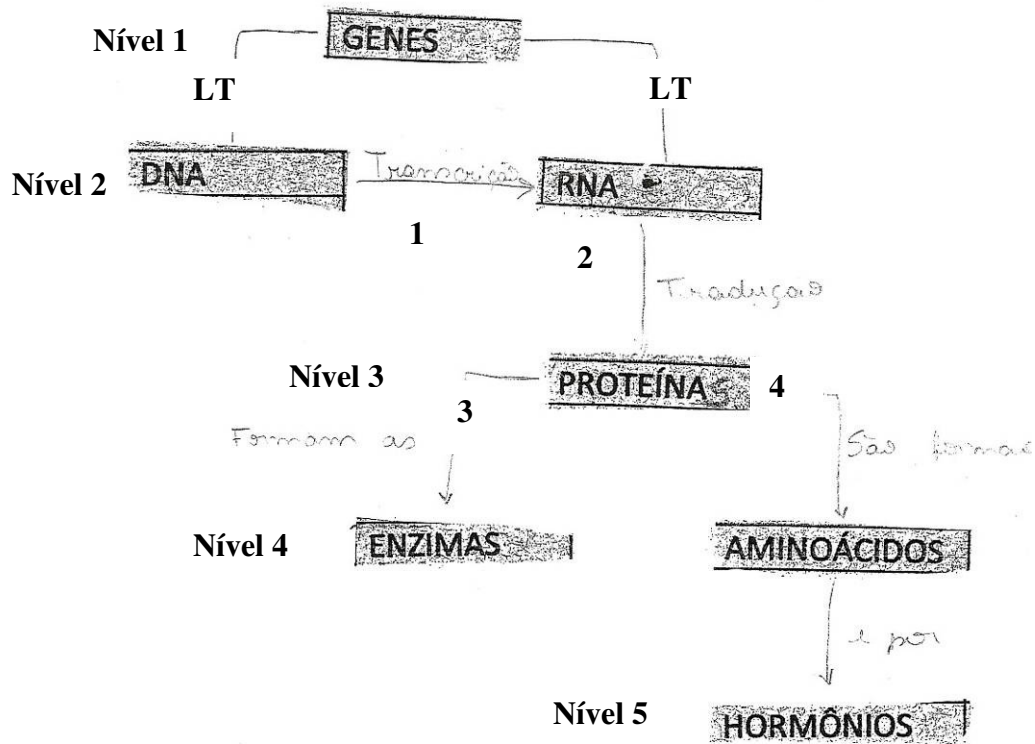
RNA

HORMÔNIOS

ENZIMAS

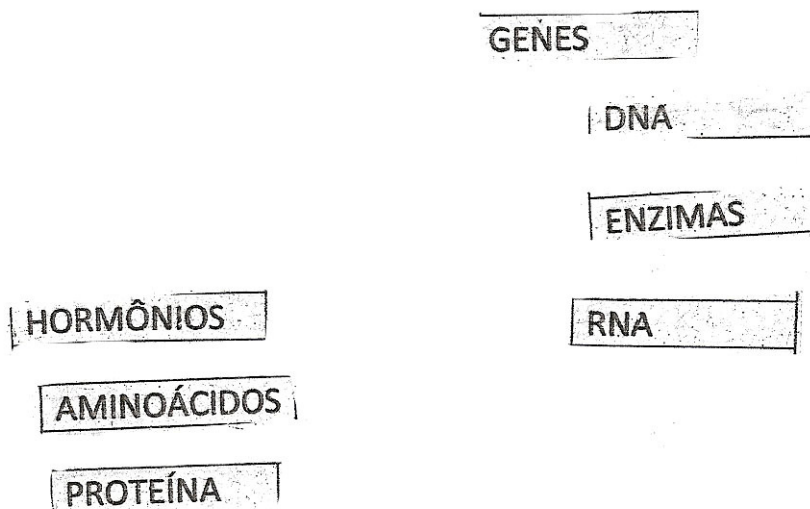
AMINOÁCIDOS

Aluno 2 - Pós-teste: (41 pontos)

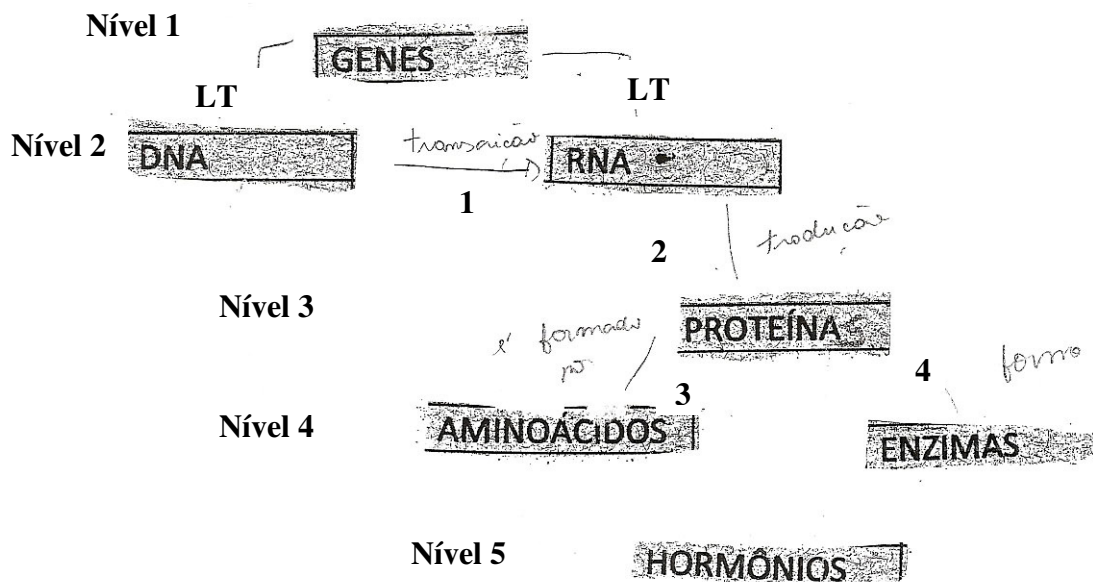


Quanto ao aluno 2, este demonstrou, através de seu mapa, no pós-teste uma representação conceitual na qual as palavras-conceitos estão inter-relacionadas. Utilizou palavras de ligação corretamente em relação à síntese de proteínas, que são transcrição e tradução e setas conectoras entre os conceitos. Apenas não conseguiu relacionar, de maneira satisfatória, a palavra-conceito hormônio no seu mapa. Apresentou, em tal mapa, uma ligação transversal significativa e criativa obtendo 41 pontos.

Aluno 3 - Pré-teste:



Aluno 3 - Pós-teste: (41 pontos)



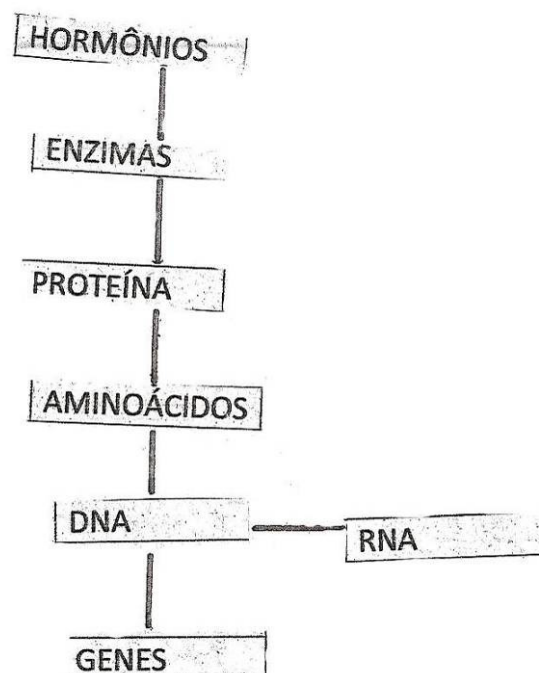
No pré-teste do aluno 3, identificam-se as dificuldades em traçar as relações entre os conceitos, pois o mesmo agrupou os conceitos em dois lados distintos. Num lado, ele agrupou Genes-DNA-enzima-RNA, pois na sua compreensão anterior eles se relacionavam de alguma forma; assim, como proteínas, aminoácidos e hormônios

eram palavras-conceitos que, no primeiro momento, na confecção do mapa no pré-teste, ele não sabia onde encaixá-los e que tipo de relação havia entre eles. Quanto ao mapa, elaborado no pós-teste foi o que mais se aproximou do esperado em termos de representação conceitual correta da relação DNA-RNA-proteínas.

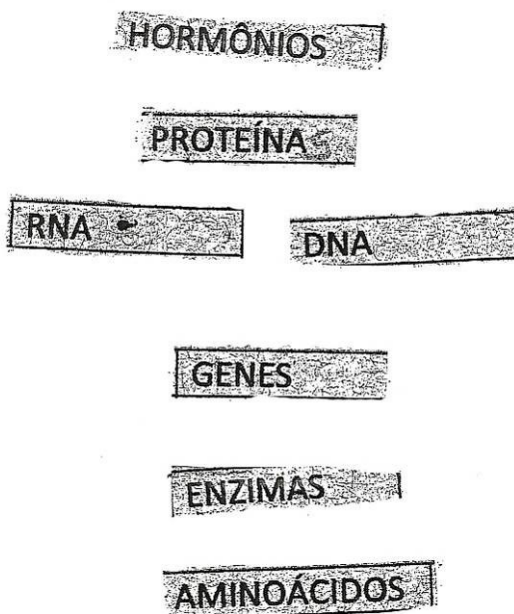
No pós-teste, o aluno 3 usa as setas conectoras adequadas e as palavras de conexão entre os conceitos. Utiliza os termos de ligação entre os conceitos que identificam a síntese de proteínas que são transcrição e tradução. Representa corretamente o “Dogma Central” da Biologia Molecular. Escapou a ele somente a seta conectora do conceito hormônio, mas ele, ainda assim, aproximou-o do grupo de conceitos que lhe eram pertinentes. Obteve 41 pontos de acordo com a tabela 01. Identificou os 5 níveis hierárquicos, elaborou 4 proposições corretamente, fez uma ligação transversal e demonstrou criatividade na apresentação da relação genes-DNA-RNA-proteínas.

O aluno 3 demonstrou um excelente relacionamento entre os conceitos estudados. No pós-teste, no seu mapa acrescentou palavras de ligação e setas conectoras entre os conceitos, construindo um mapa com ligação transversal significativa, com demonstração de criatividade na representação dos conceitos estudados.

Aluno 4 - Pré-teste:

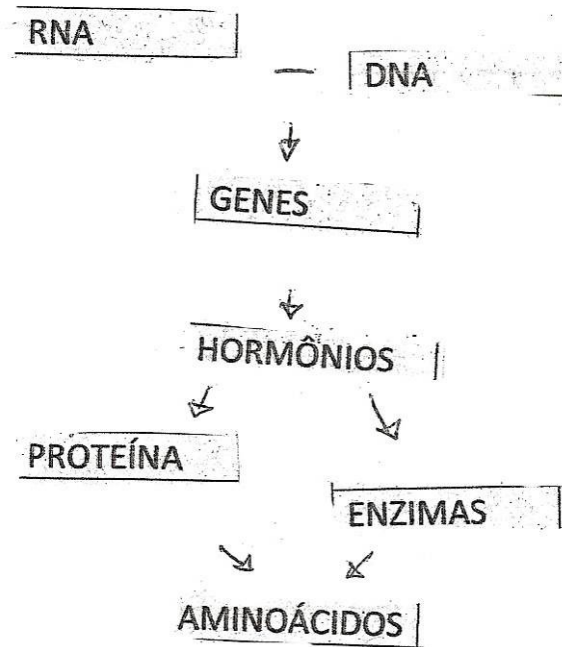


Aluno 4 - Pós-teste: (sem pontuação)

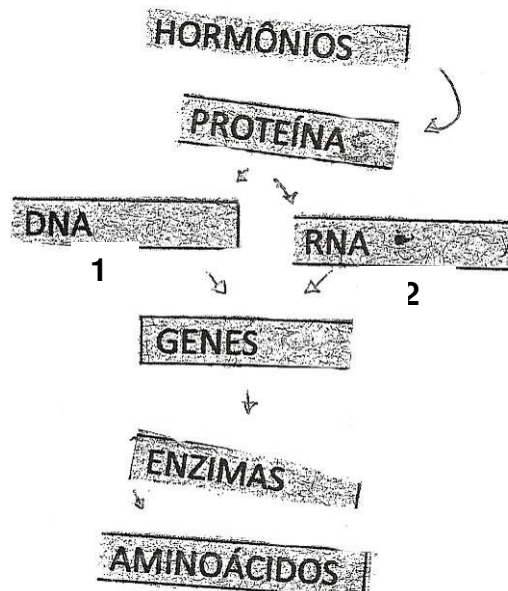


O aluno 4, no seu mapa, no pós-teste colocou a palavra-conceito hormônio menos inclusiva e mais específica no topo do seu mapa numa leitura do conceito menos abarcativa para o mais abarcativo. Não utilizou setas ou palavras conectoras e não identificou a hierarquização entre os conceitos. Isto sinaliza que a aprendizagem deste aluno não foi significativa e ofereceu uma clara demonstração das deficiências no ensino nesta área, como apontam Lewis et al. (2000), que constataram que o currículo e os livros didáticos incluem, frequentemente, processos complexos, como síntese de proteínas e engenharia genética, sem oferecer a devida correlação com os conceitos básicos envolvidos, que devem ser primeiramente entendidos. Da mesma forma, isto foi confirmado nas pesquisas de Carvalho e Teixeira (2006), que identificaram a falta de conhecimento adequado sobre gene e proteína em alunos do ensino médio e licenciados em Biologia. Martinez-Gracia et al. (2006) também constataram vários erros nos livros didáticos que dificultam a aprendizagem dos conceitos, pois as informações são factuais, levando em conta que o livro didático é um dos mais importantes recursos utilizados pelos professores no Brasil, como igualmente já evidenciaram as pesquisas de Xavier et al. (2006).

Aluno 5 - Pré-teste:



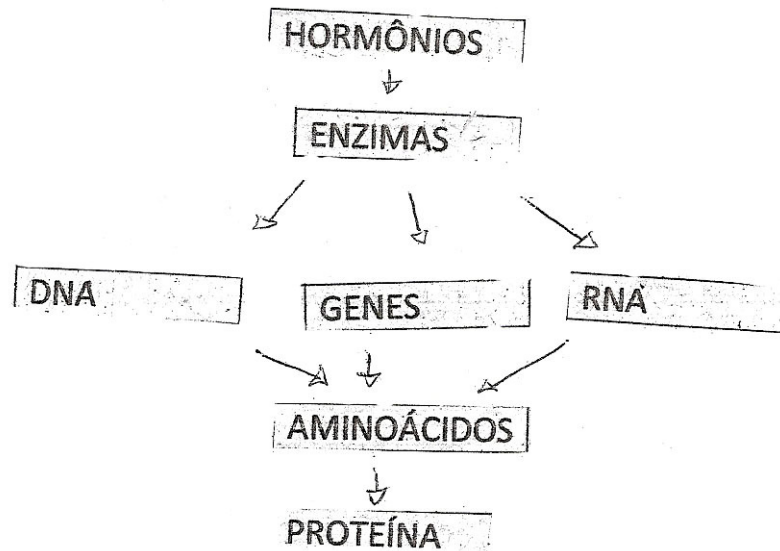
Aluno 5 - Pós-teste: (2 pontos)



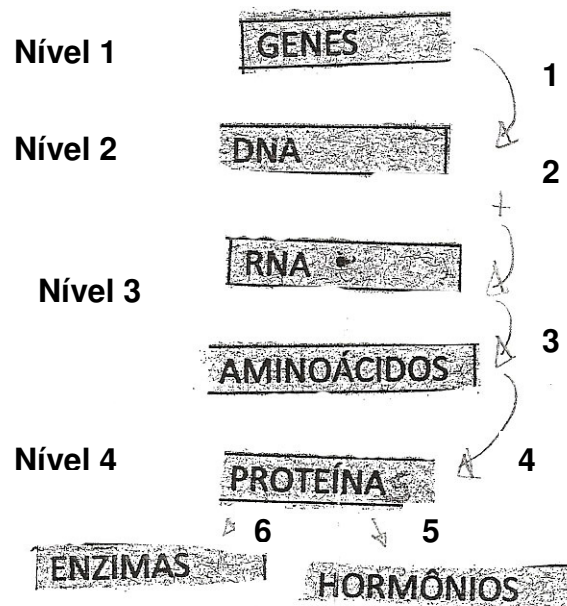
Em relação ao aluno 5 observou-se que os conceitos apresentados no seu mapa no pós-teste foram desorganizados. Ele apresentou apenas duas proposições corretas e as suas ligações entre as palavras-conceitos, de um modo geral, apontam

que o aluno tem dificuldades na organização das ideias para a compreensão das relações conceituais envolvendo a síntese de proteínas, o que comprova o identificado por Wood et al. (1998), em pesquisas realizadas com alunos espanhóis: 40% deles não tinham ouvido falar do código genético e nenhum dos estudantes pesquisados estabeleceu uma ligação entre o código genético e a síntese de um produto gênico, tal como uma proteína.

Aluno 6 - Pré-teste:



Aluno 6 - Pós-teste: (26 pontos)



O mapa do aluno 6 apresentou uma relativa capacidade organizacional na tentativa de dar significado à relação entre as palavras-conceitos. Este aluno conseguiu contemplar, alguns critérios classificatórios, obtendo 26 pontos.

No que se refere ao mapa conceitual do aluno 6, ele estabeleceu 4 níveis hierárquicos e 6 proposições corretas, apesar de não usar termos de ligação entre elas. Apresentou relações corretas entre as palavras-conceitos no seu mapa: genes-DNA, DNA-RNA, RNA-aminoácidos, proteínas-enzimas e proteínas-hormônios. Porém, ele não escreveu as palavras conectoras, chaves do processo de síntese de proteínas. Para Primon e Rezende (2009), esses processos constituem um ponto de grande fragilidade no conhecimento no grupo de universitários investigados em final de curso de Ciências Biológicas.

Um estudo realizado por Carvalho e Bossolan (2009) concluiu que é necessária uma inter-relação entre o assunto proteína e outros, como genética, mostrando aos alunos que a proteína estudada no capítulo da nutrição é a mesma do capítulo da genética. Acrescentar-se-ia, ainda, que os hormônios do capítulo sobre o sistema endócrino são os mesmos da genética. Sobre a palavra-conceito hormônio, que é um conceito específico em relação ao conceito de gene, os alunos tiveram dificuldades em elaborar as ligações corretamente.

A tabela abaixo apresenta um resumo da pontuação obtida na avaliação dos mapas dos alunos no pós-teste.

Tabela 03 – Pontuações dos mapas elaborados pelos 06 alunos nos pós-testes

	AI/01	AI/02	AI/03	AI/04	AI/05	AI/06
a) Proposições	0	4	4	0	2	6
b) Hierarquias	2x5	5x5	5x5	0	0	4x5
c) Ligações transversais: cada ligação se for válida e significativa	0	10	10	0	0	0
- Somente válida	0	0	0	0	0	0
- Ligação peculiar ou criativa	0	2	2	0	0	0
d) Exemplos	0	0	0	0	0	0
Pontuação	10	41	41	0	2	26

4.1.1 Conclusões sobre os mapas conceituais elaborados pelos alunos

O aluno 1 no seu mapa do pré-teste, utilizou setas conectoras, apesar das relações entre os conceitos serem equivocados e os mesmos enganos continuarem no pós-teste, o que empobreceu o seu mapa. Não utilizando, inclusive, linhas conectoras.

O aluno 4 no pré-teste, colocou as categorias menos inclusivas no topo do mapa, numa leitura do conceito menos abarcativo para o mais abarcativo. No pós-teste não houve mudança no seu mapa.

Quanto ao aluno 5, percebeu-se que os conceitos nos seus mapas no pré-teste e pós-teste foram confusos.

Elenca-se os possíveis motivos pelos quais os alunos 1, 4 e 5 não aproveitaram plenamente a UD. Um deles reside no que aponta Ausubel et al. (1980 apud Moreira, 1986, 1999). Segundo esses autores, o aprendiz deve manifestar uma

disposição para relacionar significativamente a nova informação à sua estrutura cognitiva. Nesse aspecto, o uso de estratégias facilitadoras de aprendizagem funcionará como um reforço à sua disposição em aprender. Porém, se a intenção do aprendiz for apenas a de memorizar de maneira arbitrária e literal a nova informação, seja ela significativa ou não, a aprendizagem só poderá ser mecânica. Logo, a estratégia facilitadora não influenciaria no aprendizado.

Outro empecilho diagnosticado foi que os alunos não tiveram oportunidade de re-elaborarem seus mapas confeccionados no pós-teste para identificarem suas deficiências conceituais. Também pode-se considerar que outra limitação da UD residiu no fato do tema proposto partir dos pesquisadores e não dos alunos; portanto, naquele momento, a temática não se revestiu de significado para os alunos 1, 4 e 5. Outra questão importante é que, para o aluno chegar à concepção científica, é necessário que tenha havido uma mudança conceitual. Essas mudanças não são simples, pois fazem parte de um processo metodológico e epistemológico. Posner e Cós (apud GARRIDO, 1991) apontam que, para haver mudança conceitual, os alunos devem se sentir insatisfeitos com as limitações de suas representações e abertos às explicações científicas.

Como esclarece Santos (1991), na busca de tentar entender os conteúdos das crenças e ideias dos alunos antes, durante e depois do ensino, as pesquisas têm evidenciado características peculiares dessas ideias como pessoais, já que cada indivíduo interioriza suas experiências de maneira própria; que elas são coerentes, pois a eles parecem sensatas e úteis e, finalmente, são estruturadas e resistentes às mudanças, porque persistem, apesar de serem ensinadas as concepções científicas a eles. Essa mesma autora esclarece que o conhecimento se constrói por re-estruturações sucessivas. Contudo, a mudança não é nada fácil. Qualquer ideia está articulada de uma forma complexa a muitas outras ideias. Por conseguinte, mudar uma implica, muitas vezes, repensar outras. O conhecimento individual não é um conjunto discreto de elementos, mas, antes, uma série de estruturas. A aprendizagem envolve o desenvolvimento e a mudança de tais estruturas.

Quanto aos mapas elaborados pelo aluno 3, evoluíram, significativamente, no pré-teste, com os conceitos soltos e, no pós-teste, com os conceitos inter-relacionados com palavras e setas conectoras. O aluno 3 também demonstrou evolução na construção do seu mapa no pós-teste, pois o mesmo acrescentou

palavras e setas conectoras aos conceitos. Ele foi do conceito mais abrangente para o menos inclusivo.

Os mapas dos alunos 2 e 3 se revestiram de significado, pois esses alunos de Ensino Médio identificaram os mecanismos de transcrição e tradução o que, recentemente, de acordo com pesquisa realizada por Primon e Rezende (2009), com 33 estudantes do último semestre do curso de licenciatura em Ciências Biológicas sobre a relação DNA, RNA, aminoácidos e proteínas, apenas 37% identificaram os termos mas apresentaram uma conceituação ingênua ou desconhecida e 40% apenas conheciam os termos e tinham definições memorizadas, sem compreensão real dos significados.

Em relação ao mapa conceitual do aluno 6, evoluiu um pouco a partir dos conceitos desconexos do pré-teste a uma relação mais coerente entre os conceitos de proteínas, enzimas e hormônios no seu pós-teste.

Logo, os melhores mapas, por ordem de melhor compreensão da relação genes-proteína, foram elaborados, respectivamente, pelos alunos 2, 3 e 6.

4.1.2 Análise das respostas nos pré e pós-testes

4.1.2.1 Teste I - Proteínas (Anexo D)

Todos os alunos envolvidos na pesquisa tinham conhecimento de que as proteínas são formadas por aminoácidos. Tal fato é proveniente das aulas anteriores, decorrentes do seu processo de escolarização. A temática composição química da célula faz parte da programação da 1ª série da disciplina de Biologia no Ensino Médio.

Questão 2 - Teste I

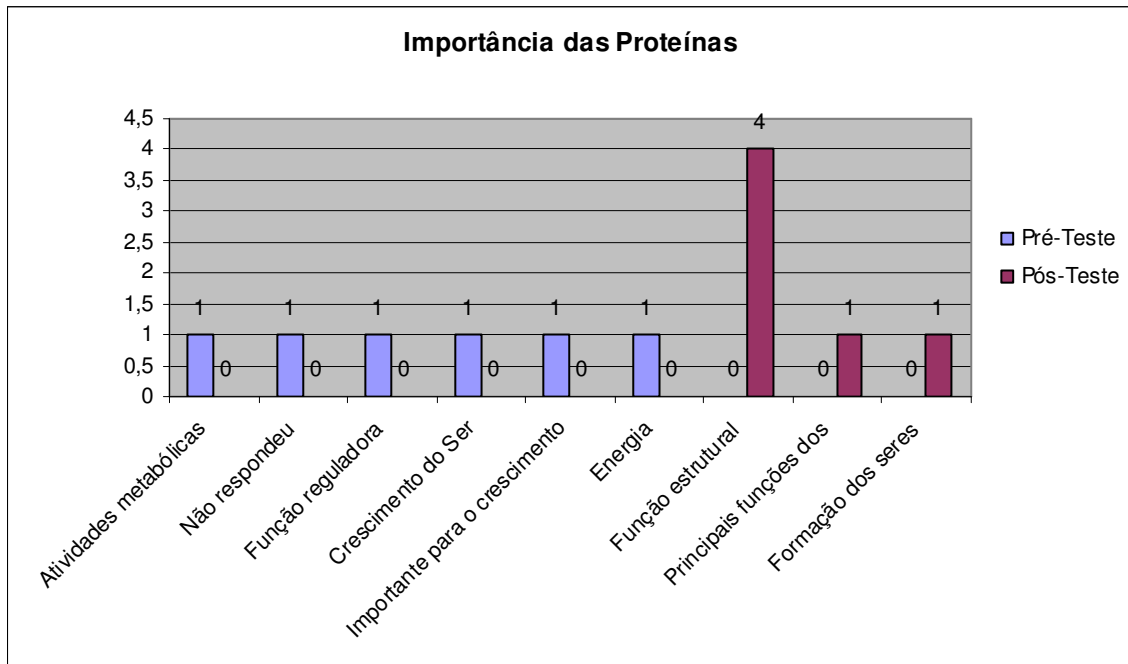


Figura 7 – Categorização das respostas referentes a questão 2 do teste I: qual a importância das proteínas?

No pré-teste, evidenciou-se uma grande diversidade de respostas obtidas como atividades metabólicas, crescimento do ser, reguladora e energética. E, no pós-teste, a maioria dos alunos resumiu como função estrutural, lembrando apenas o enfoque dado em Citologia sem conexão com a Genética. Conforme apontaram as pesquisas de Carvalho e Bossolan (2007) que indicaram uma tendência dos alunos em definirem genericamente o papel das proteínas no organismo humano, eles entenderam as proteínas apenas como “construtoras de tecido”, portanto, com uma função prioritariamente estrutural.

Questão 3 – Teste I

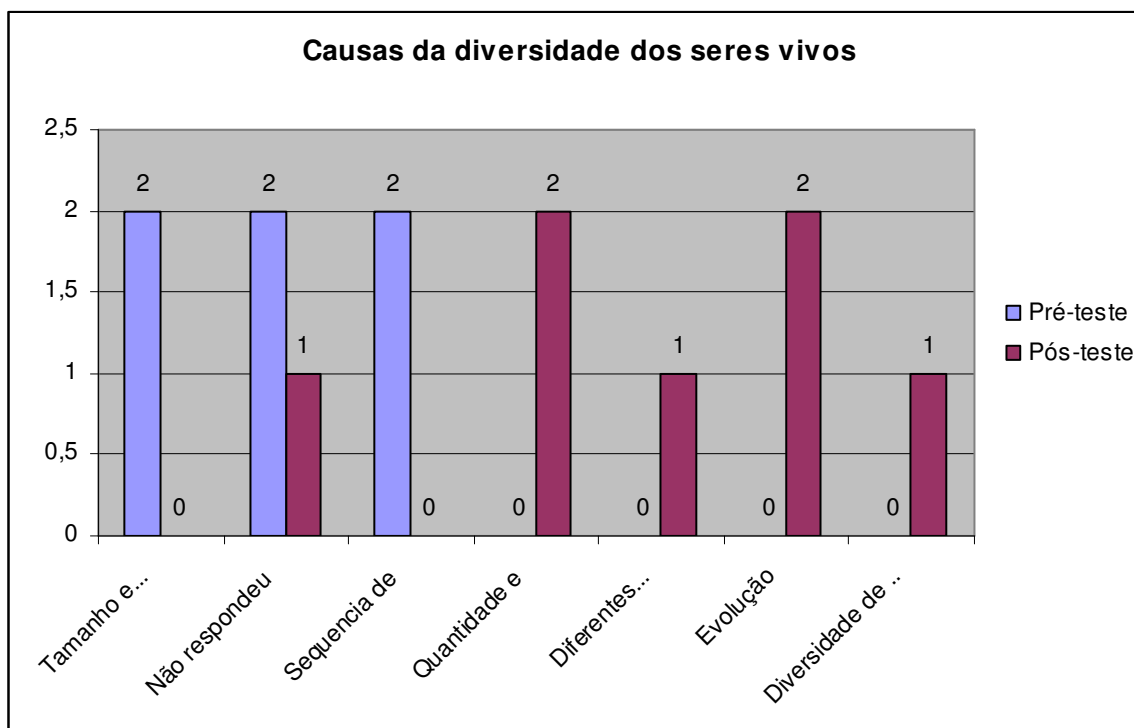


Figura 8 – Categorização das respostas referentes a questão 3 do teste I: como é gerada a diversidade dos seres vivos?

As respostas relativas à pergunta sobre as causas da diversidade dos seres vivos no pré-teste, ficaram restritas a respostas como sequência de aminoácidos e tamanho dos mesmos (alunos 1, 2 e 3). Os alunos associaram, no pós-teste, a diversidade dos seres vivos à quantidade, sequência e diferentes combinações de aminoácidos, escapando-lhes, neste momento, a compreensão de que a sequência de aminoácidos nas proteínas é definida pelos genes que determinam a diversidade de seres vivos.

Questão 4 - Teste I

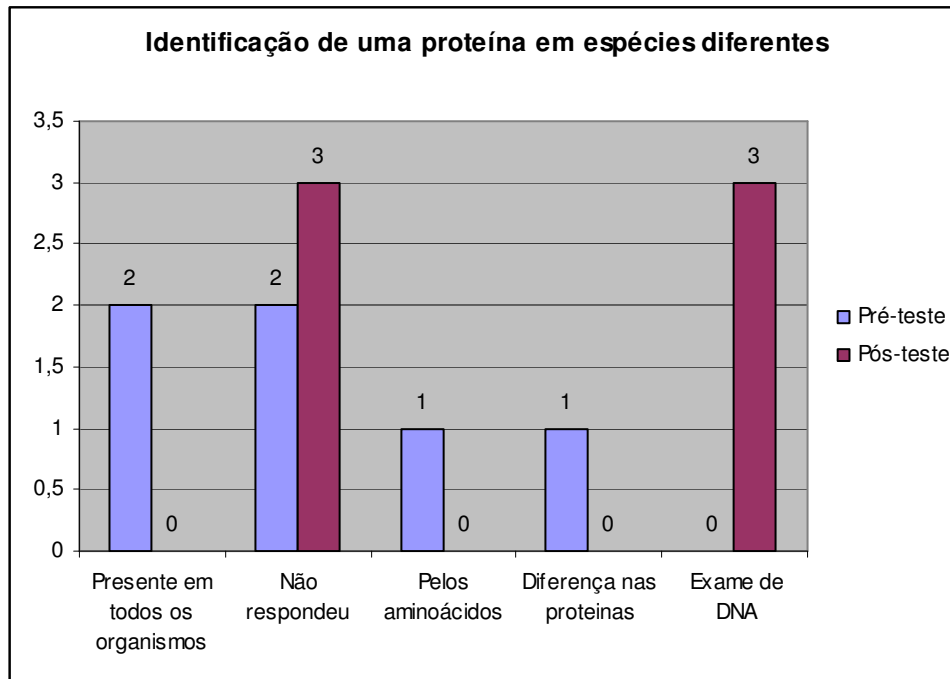


Figura 9 – Categorização das respostas referentes a questão 4 do teste I: Por que é possível determinar que uma mesma proteína pertence a espécies diferentes?

No pré-teste, os alunos responderam de maneira ampla sobre a questão referente à identificação de uma proteína em espécies diferentes, da seguinte forma: estão em todos os seres as proteínas (alunos 1 e 4). No pós-teste, os alunos 4, 5 e 6 centraram sua resposta baseados no exame de DNA das espécies, provavelmente pela inter-relação que eles estavam processando em sua rede conceitual sobre a ligação DNA-proteínas. Eles não esqueceram, em suas respostas, que a sequência e a quantidade de aminoácidos presentes nas proteínas são as responsáveis pela identificação de espécies diferentes.

Tabela 04 – Categorização das respostas referentes a questão 5 do teste I: Explique e exemplifique o que são estruturas primárias, secundárias, terciárias e quaternárias das proteínas?

Respostas	Pré-teste	Pós-teste
Não respondeu	6	2
Elaboração de desenhos/ esquemas representativos	0	2
Estruturas primárias: tipo “contínuas”, em linhas não se enrola Estruturas secundárias: cadeia de polipeptídios enrolada em forma helicoidal Estruturas terciárias: dobras decorrentes da atração entre radicais dos aminoácidos, localizados em diferentes regiões da molécula Estrutura quaternária: junção das terciárias	0	1
Estruturas primárias: proteínas comuns Estruturas secundárias: proteínas que começam a se torcer Estruturas terciárias: proteínas mais torcidas Estrutura quaternária: junção das terciárias	0	1

Na questão referente a explicar e exemplificar as estruturas primárias, secundárias, terciárias e quaternárias das proteínas, nenhum aluno respondeu a essa pergunta no pré-teste. Agora, as respostas a esta questão no pós-teste, demonstraram que os alunos retiveram informações significativas, apoiados no modelo explicativo montado na aula prática sobre proteínas, em que utilizamos 20 miçangas coloridas, representando os aminoácidos existentes na natureza e fios de náilon para as ligações peptídicas. Através desse recurso explicativo, possibilitou-se, aos alunos 1 e 3, elaborarem esquemas baseados nos modelos trabalhados. Os alunos 4 e 6 conceberam suas respostas, mesclando conceitos teóricos e impressões que tiveram, ao montar as proteínas com o uso de material concreto. Logo, para 4 alunos do grupo, a aula prática com a utilização dos modelos, foi muito relevante para a sua aprendizagem sobre as estruturas das proteínas.

4.1.2.2 Teste II - Reconhecendo genes, DNA e síntese de proteínas (Anexo E)

Pelas respostas obtidas em relação ao conhecimento dos termos Gene, Cromossomo e DNA evidencia-se que não eram estranhos ao grupo de alunos, que já tinham ouvido falar e lido nos textos didáticos do ano anterior, durante as aulas de citologia da 1ª série do Ensino Médio, além do que a maioria (5 alunos) deles,

frequentava cursinhos preparatórios para o PEIES/2009 (Programa Especial para o Ingresso no Ensino Superior da UFSM - Universidade Federal de Santa Maria/RS, processo pelo qual o aluno, no final de cada uma das três séries do ensino médio, se submetia a uma prova para ter direito a um somatório de pontos e, assim, concorrer a uma vaga no ensino superior público) à noite, em que o tema principal era Genética, diferente dos assuntos abordados na programação curricular executada no SCMB. Mas, o que ainda nos chama atenção é que eles reconhecem os termos nos pré- testes, mas isso não significa que estes estivessem revestidos de significados para eles.

Questão 2 – Teste II

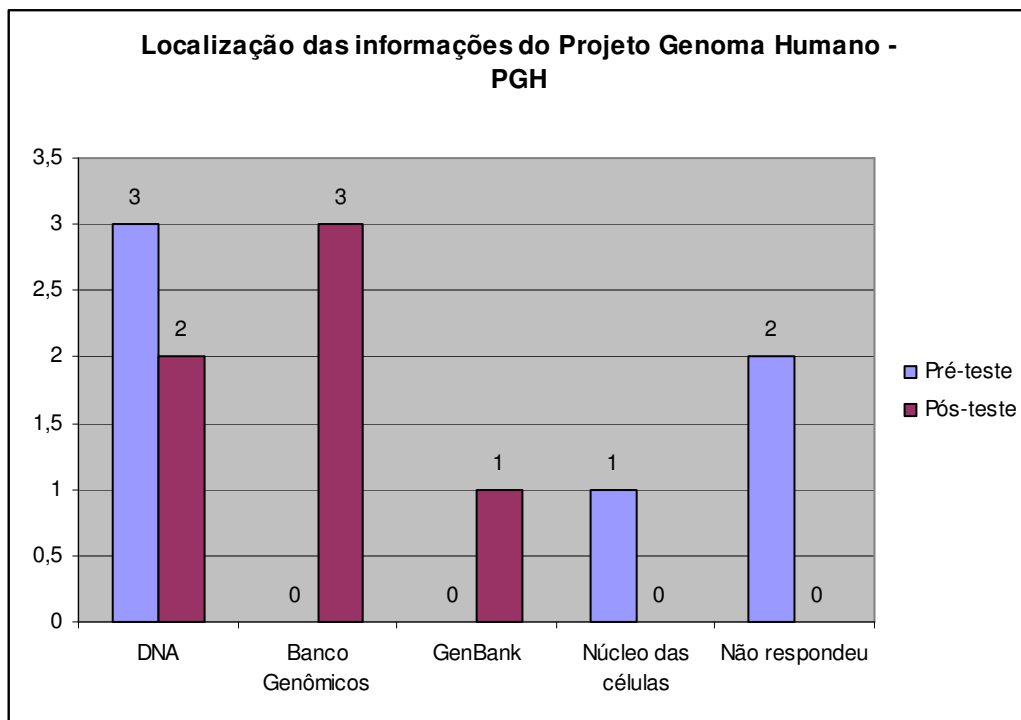


Figura 10 – Categorização das respostas referentes a questão 2 do teste II: Em que lugar acredita que estejam guardadas as informações do Projeto Genoma Humano?

Em relação à questão: Em que lugar acredita que estejam guardadas informações sobre o PGH? No pré-teste, os alunos não souberam responder. No pós-teste, os alunos 1, 2, 3 e 6 responderam acertadamente nos Bancos Genômicos ou bancos de dados do DNA, que contêm informação genética parcial ou total de

uma espécie, pois o ápice da aplicação da UD foi a exploração do GenBank com os alunos através do *site* do NCBI. E, os alunos 4 e 5 relacionaram as informações do PGH ao conceito de DNA.

Questão 3 – Teste II

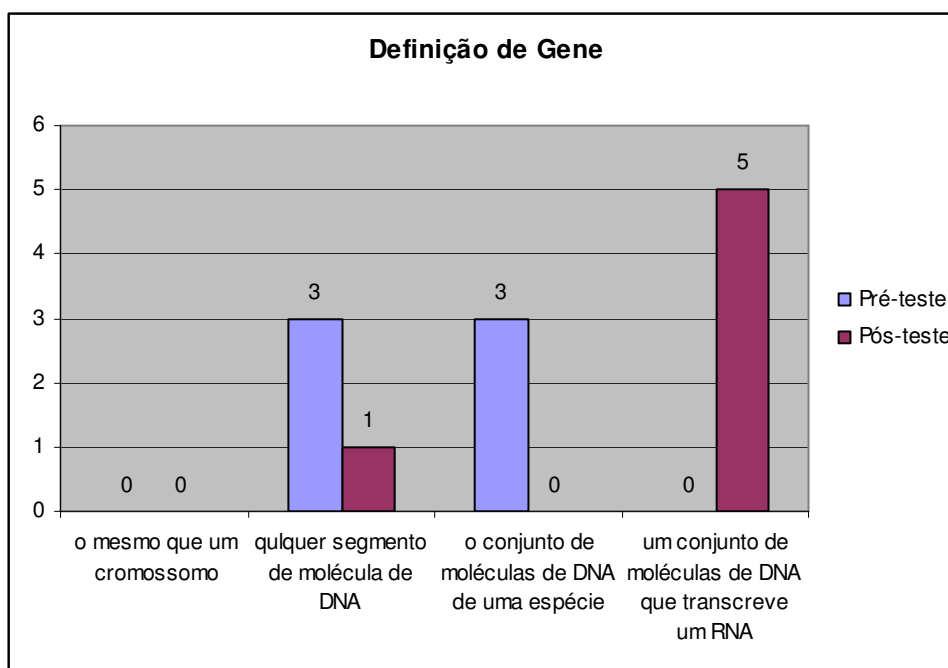


Figura 11 – Categorização das respostas referentes a questão 3 do teste II: Qual das alternativas melhor define um gene?

Questão 4 -Teste II

Na questão referente ao conceito de gene, no pré-teste nenhum aluno marcou alternativa correta, pois relacionaram o gene somente à sua composição química, ao DNA, sem refletir, nesse momento, sobre a síntese proteica. Agora, no pós-teste apenas um aluno errou a questão e os demais fizeram a conexão com o processo de síntese proteica, acertando a questão.

Quanto a questão, relativa à conceituação de gene, trabalhos como os de Santos e El-Hani (2007) apresentam que as ideias sobre genes, que foram largamente aceitas pela comunidade científica, como o conceito molecular clássico, de acordo com o qual o gene é um segmento de DNA que codifica um produto

funcional (polipeptídeo ou RNA), têm sido desafiados por uma série de achados (e.g, genes interrompidos, *splicing* alternativo, edição de RNAm...).

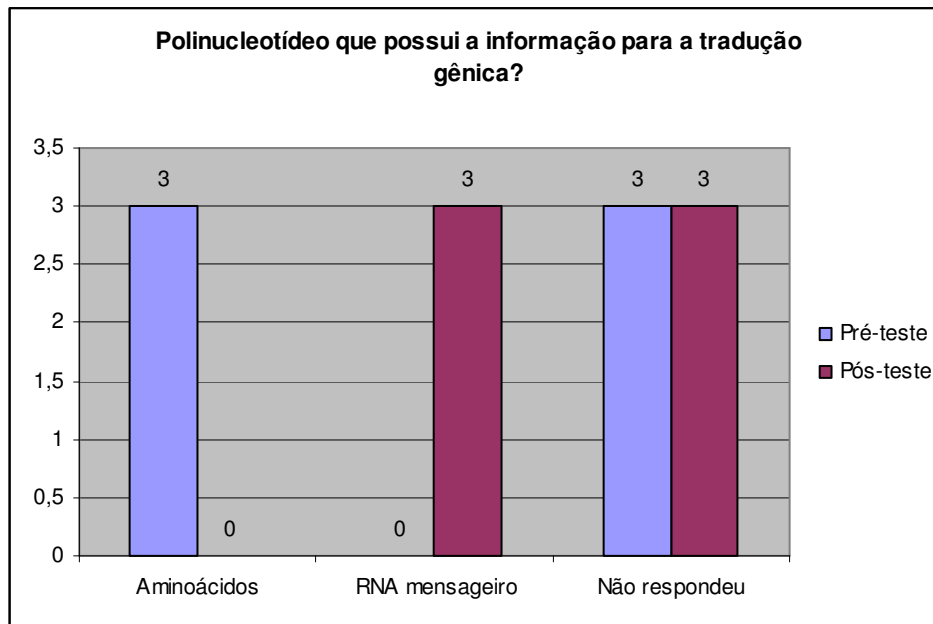


Figura 12 – Categorização das respostas referente a questão 4 do teste II: Qual o polinucleotídeo que possui a informação para a proteína a ser formada na tradução gênica?

No que diz respeito à questão sobre qual é o polinucleotídeo que possui a informação para a proteína no pré-teste, eles não acertaram esta questão no pré-teste. Os conceitos e termos envolvidos na síntese de proteínas não estavam claros para o grupo, provavelmente frutos de uma aprendizagem mecânica (do ano anterior), logo, memorística e não significativa. Depois, nos pós-teste houve um avanço significativo da aprendizagem propiciado pelas atividades desenvolvidas durante a OC da UD sobre síntese proteica, aliado ao uso de recursos interativos. Também o uso de modelos em cartolina, para simular a síntese do hormônio do crescimento, foi um facilitador para 3 alunos, logo, 50% do grupo acertaram a resposta: RNAm.

4.1.2.3 Teste III - Síntese de proteínas (Anexo F)

Questão 1.a. Teste III

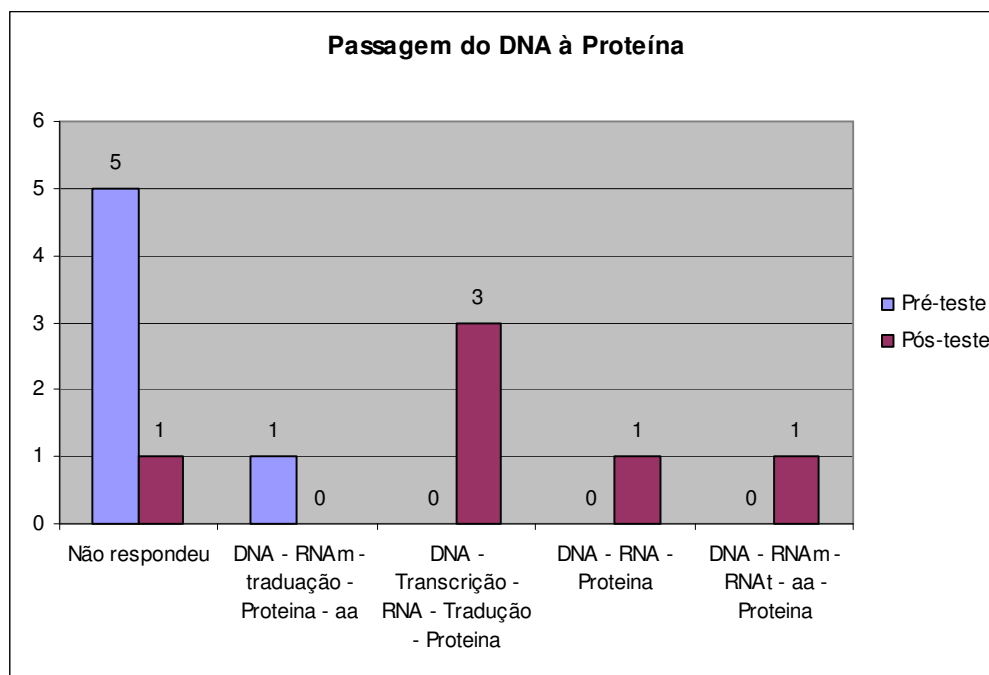


Figura 13 – Categorização das respostas referentes a questão 1a do teste III: Montagem de um esquema simples formado por setas e palavras demonstrando como a partir de uma sequência de DNA se obtém uma proteína.

Neste teste, na questão 1.a foi solicitado que os alunos elaborassem um esquema simples representando como a partir de uma sequência de DNA, se obtém uma proteína, no pré-teste, apenas o aluno seis (6) realizou o esquema somente com uma inversão em relação à ordem de colocação do conceito mais abrangente localizado no final que, neste caso, seria primeiro aminoácidos e depois proteínas. Pesquisas de Martinez-Gracia et al. (2006) analisando o conteúdo dos livros didáticos em escolas espanholas sobre os processos de tradução e transcrição, consideraram que as informações são factuais e não facilitam o entendimento dos conceitos mais importantes. Assim como no Brasil, as pesquisas de Ciampi (2002), Borges e Caldeira (2006) também comprovam estas dificuldades pertinentes ao conhecimento em Biologia Molecular.

O controle das características fenotípicas dos seres vivos é feito pelos genes, através do comando da síntese de proteínas. No processo de elaboração de uma

proteína, ocorrem as etapas de transcrição e tradução. A primeira etapa forma a molécula de RNA mensageiro, contendo a mensagem genética e, a 2ª etapa, é responsável pela produção de proteína.

No pós-teste, em relação a questão 1.a, apenas um aluno não escreveu o esquema da síntese de proteínas. Os demais representaram o dogma central da biologia corretamente.

Questão 2.a. – Teste III

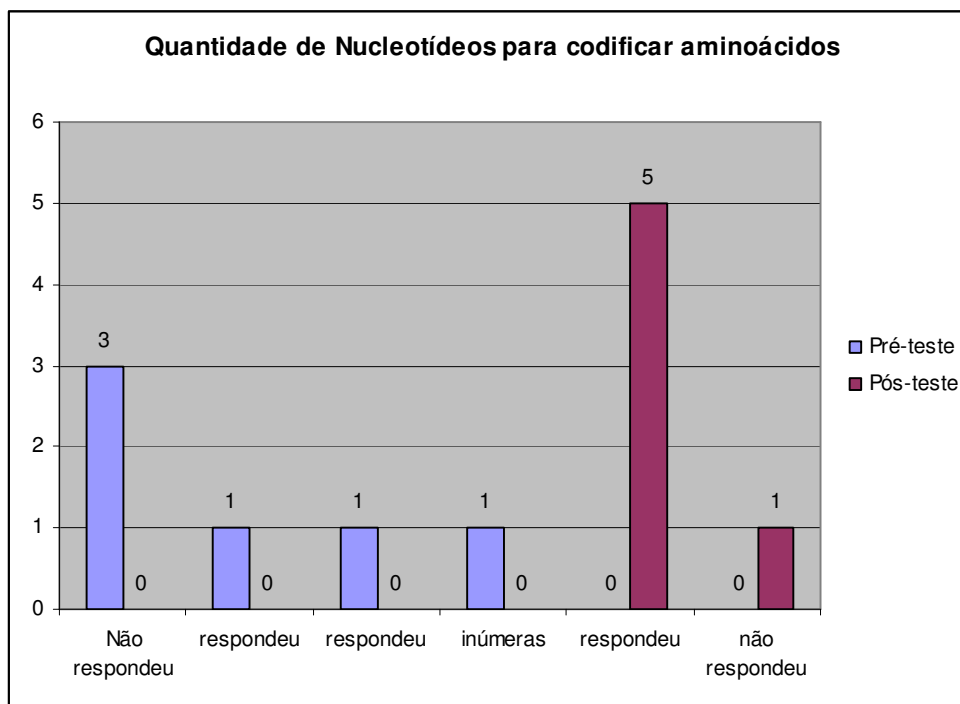


Figura 14 – Categorização das respostas referentes a questão 2.a do teste III: Quantos nucleotídeos são necessários para codificar as sequências de aminoácidos nas espécies 1 e 2? Justifique.

No pré-teste, relativo à questão 2.a, em relação a quantos nucleotídeos são necessários para a sequência de aminoácidos representados na espécie 1 e 2, três (3) alunos deixaram a questão em branco. Os outros três responderam erroneamente. Agora, no pós-teste, 5 alunos acertaram o número de nucleotídeos que eram 84, mas apenas três justificaram corretamente que são necessários três nucleotídeos para codificar um aminoácido. A resposta correta seria nas espécies 1

e 2 são necessários 84 nucleotídeos para codificar cada sequência de aminoácidos. Para cada aminoácido da cadeia polipeptídica são necessários três nucleotídeos.

Questão 2.b -Teste III

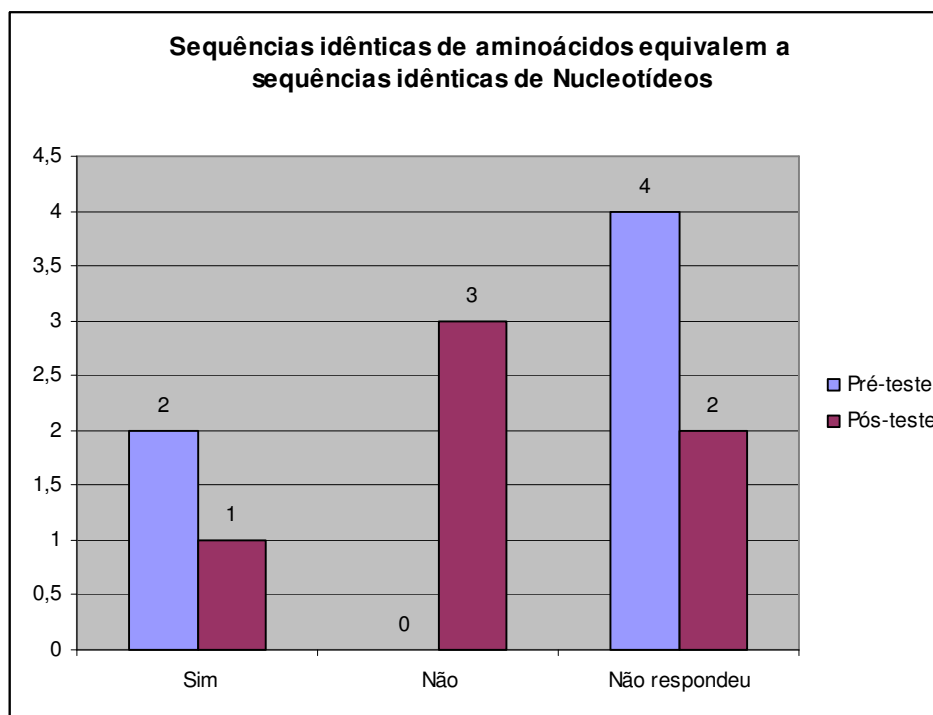


Figura 15 – Categorização das respostas referentes a questão 2.b do teste III: Pode-se dizer que as sequências idênticas de aminoácidos são sempre codificadas por sequências idênticas de nucleotídeos? Justifique.

No pré-teste, na questão 2.b, relativa à concordância dos alunos de que sequências idênticas de aminoácidos são codificadas por sequências iguais de nucleotídeos nenhum deles respondeu esta questão neste momento. Já, no pós-teste, três alunos acertaram, pois a resposta era “não”, porque um mesmo aminoácido pode ser codificado por dois ou mais códons no RNAm. E os alunos não justificaram nestes termos, utilizaram justificativas vagas como, por exemplo: são sequências diferentes de nucleotídeos.

4.1.2.4 Teste IV - Identificação de um gene (Anexo G)

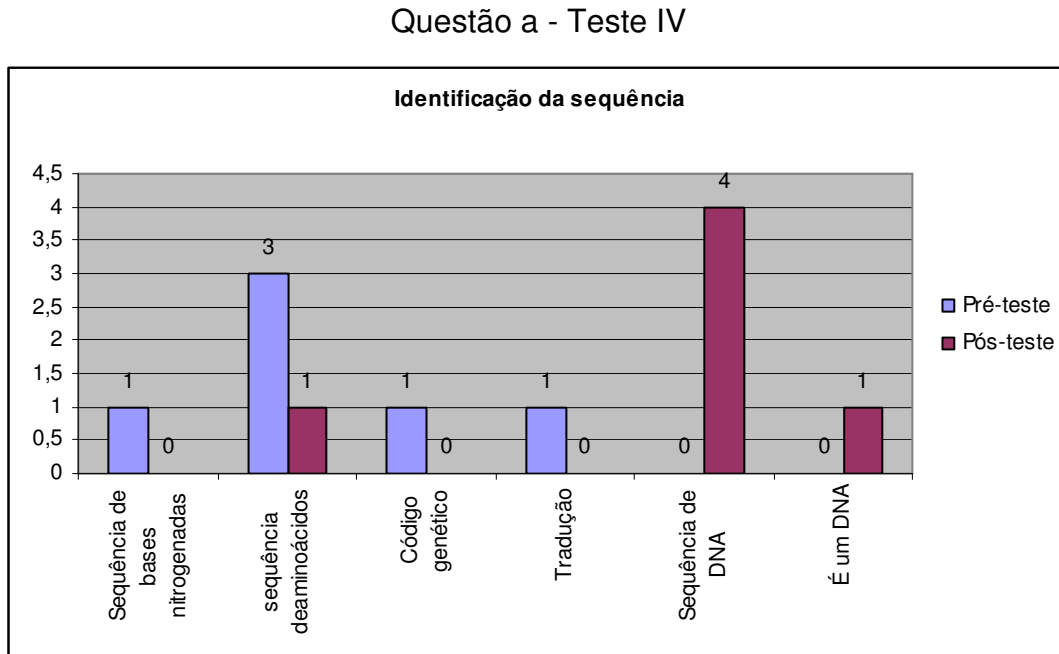


Figura 16 – Categorização das respostas referentes ao teste IV: Para você, qual o significado dessa ilustração?

No que concerne a esta ilustração retirada do GenBank, que representa um gene, apresentada ao grupo no pré-teste, os alunos 2, 3 e 4 associaram a ilustração aos aminoácidos. O aluno 1 associou às bases nitrogenadas e o aluno 5 ligou a ilustração ao código genético, enquanto o aluno 6 direcionou sua resposta a uma das fases da síntese de proteínas, a tradução. Agora, nos pós-testes, os alunos 1, 2, 3 e 6 identificaram a ilustração como sequências de DNA, o que está correto, enquanto o aluno 4 relacionou-a como o DNA e o aluno 5 como sequência de aminoácidos.

Apesar de nenhum deles utilizar o termo gene, 5 alunos acertaram esta questão ao associar a ilustração, a sequências de DNA. Esta questão nos indica que o acesso orientado ao GenBank foi extremamente significativo para eles. Não é comum, os livros didáticos de Biologia para o Ensino Médio apresentarem sequências inteiras do gene para atividades de síntese de proteínas. Utilizam apenas um pequeno trecho (com poucos nucleotídeos) e o aluno interage com a questão, utilizando regras de troca de bases memorizadas anteriormente. Assim,

não conseguem ter ideia real do processo e de como a ciência apresenta os genes no GenBank. Os alunos do Ensino Médio não têm conhecimento de que um gene pode ter mais de 2000 pares de bases (pb). Como, nas questões propostas para estudantes do Ensino Médio, são habitualmente utilizados pequenos pedaços de nucleotídeos, os alunos não conseguem fazer a conexão de que eles expressam genes ou ainda que hormônios ou enzimas sejam produtos gênicos.

4.1.2.5 Teste V - Encontrando o gene LIMD1 (Anexo H)

Questão 1 – Teste V

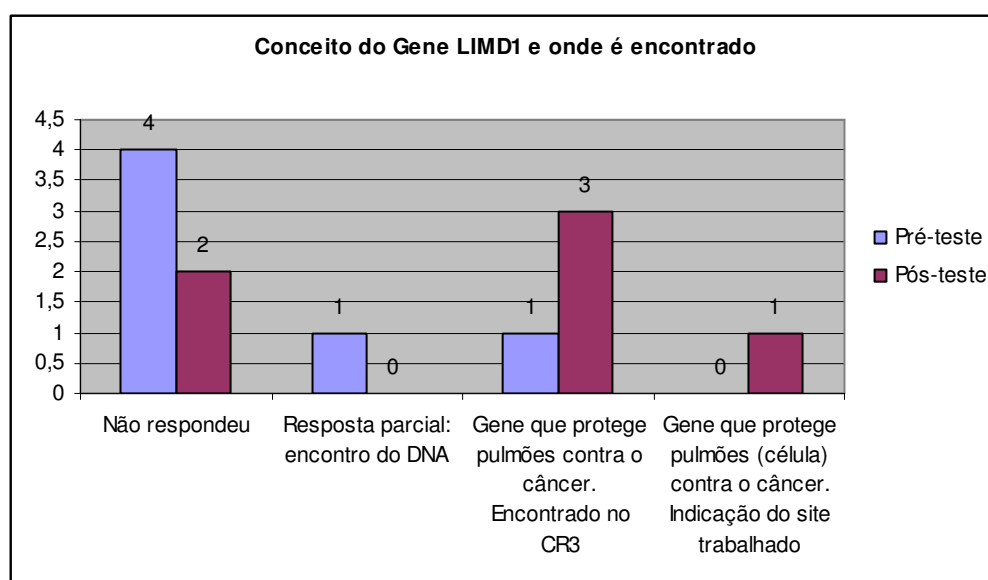


Figura 17 – Categorização das respostas referentes ao teste V: O que seria o gene LIMD1 e onde nós poderíamos encontrá-lo?

Questão baseada na reportagem publicada no jornal *A Razão*/Santa Maria, RS, em dezembro de 2008, sob o título: “Descoberto novo gene contra o câncer de pulmão”. Na pergunta, sobre o que seria LIMD1 e onde poderíamos encontrá-lo, no pré-teste, o aluno 5 deu uma resposta vaga, mas, já no pós-teste, respondeu baseado no que tinha aprendido ao acessar o GenBank e citou todas as ferramentas utilizadas por ele no momento da AC na UD, que foram OMIM, *Entrez Gene*,

Nomenclature, Ref Seq. e Protein.(ver artigo ROSA; LORETO, 2010 e www.slideshare.net/rosanetr).

Quanto aos alunos 1, 2, 3 e 4, que tinham deixado a questão em branco no pré-teste, agora, no pós-teste, responderam mas, mais de acordo com a interpretação do artigo de jornal do que com o que lhes foi apresentado em termos de conhecimentos científicos (permanece ainda o conceito intuitivo dos genes localizados exclusivamente nas células do pulmão), enquanto o aluno 6 não respondeu o pós-teste.

Pode-se inferir, em relação a esta questão, sobre as ideias prévias dos alunos, persistentes como nos confirmam inúmeros autores, que as mesmas possuem grande tenacidade em relação ao ensino formal. Essa resistência, segundo Solomon (1983 apud SANTOS, 1991, p.111) é facilmente compreensível se admitir que tal conhecimento é um “conhecimento socializado”. Estas concepções estão enraizadas na sociedade, através da conversação diária e, através da mídia, os alunos são confrontados com suposições de como as coisas se movem, sobre a sua energia e, sobre outras propriedades que não podem ser diretamente questionadas pelas explicações científicas que aprendem na escola.

Também, outro viés significativo é sobre a mudança conceitual nos alunos que não é uma tarefa fácil, como nos afirma Santos (1991), em que as buscas para entender os conteúdos das crenças e ideias dos alunos antes, durante e depois do ensino, em que as pesquisas têm evidenciado características peculiares dessas ideias como pessoais, coerentes, no ponto de vista dos alunos, uma vez que não estão isoladas, mas fazem parte de uma rede de relações constituintes de uma estrutura, são resistentes à mudança, pois permanecem, apesar de serem ensinadas as concepções científicas aos alunos.

4.1.2.6 Teste - VI - Reconhecendo o gene BRCA1 e PGH (Anexo I)

Questão a - teste VI

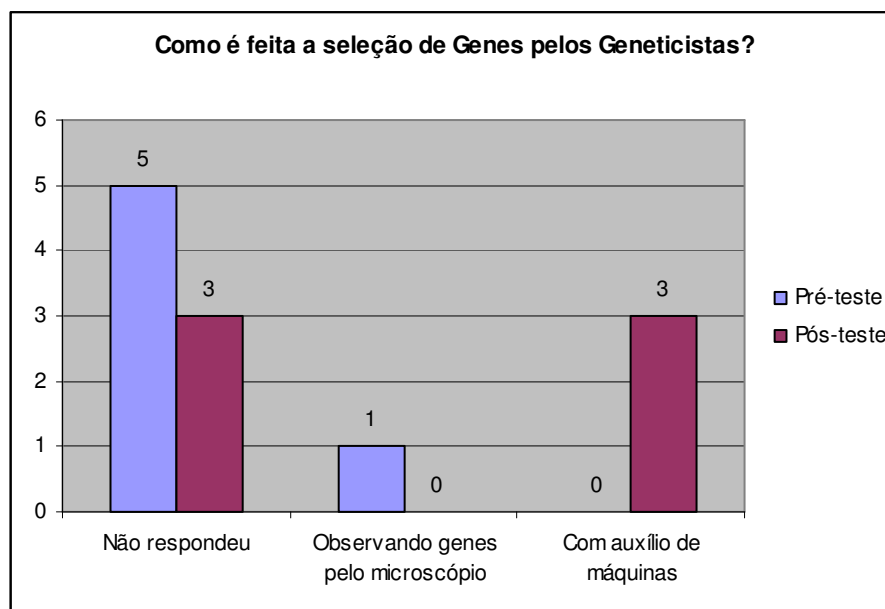


Figura 18 – Categorização das respostas referentes a questão a do teste VI: Como é feita a seleção de genes pelos geneticistas?

As questões a e b deste teste foram retiradas da reportagem: “Menina selecionada não tem gene cancerígeno”, publicada no Jornal *Diário de Santa Maria*, RS, em fevereiro de 2009. Este tema, no pré-teste, foi completamente estranho aos alunos. Eles não sabiam do que se tratava, não responderam à pergunta inicial que era: Como os geneticistas selecionam genes. O aluno 5 colocou que os genes podem ser observados pelos microscópios e esta crença é comungada por vários alunos e, inclusive, muitas vezes, pelos próprios professores de Biologia. Sobre o conhecimento das técnicas da Biologia Molecular, os professores sabem explicar, baseados nos textos dos livros didáticos, para os seus alunos, mas eles não dominam as mesmas, pois esses educadores que estão em sala de aula, hoje, em sua maioria teve sua formação até a década de 90 e não entraram em contato com as ferramentas atuais da Biologia Molecular através da Bioinformática. Além do que, pesquisas comprovam que as ideias prévias permanecem, inclusive, em nível universitário da área de especificidade. Os alunos não têm noção do tamanho do

DNA, que é da unidade do nanômetro. A comunicação científica: Trabalhando com escalas no ensino de citologia, de autoria de Amorim e Rosa (2000), sinalizava que no ensino de citologia a noção de proporção, entre as estruturas, é indispensável para sua melhor compreensão. Os livros didáticos que tratam do assunto, comumente apresentam ilustrações desproporcionais e, não raro, a célula aparece do mesmo tamanho de uma mitocôndria e o DNA maior que o núcleo. No pós-teste, as respostas refletiram a ida ao laboratório de Genética da UFSM durante o processo de OC da UD, quando eles foram apresentados ao conjunto de técnicas, aparelhos e máquinas utilizados na pesquisa em Biologia Molecular e receberam explicações sobre os procedimentos laboratoriais.

Questão b - Teste VI

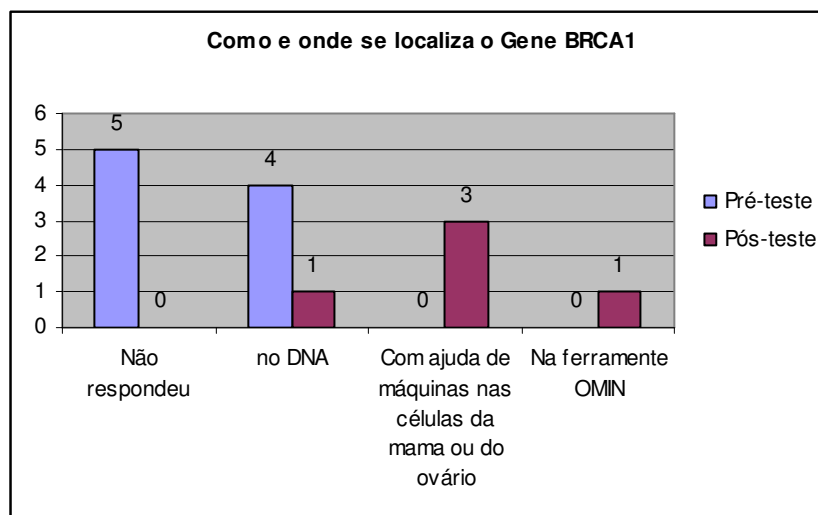


Figura 19 – Categorização das respostas referentes a questão b do teste VI: Como e onde se localiza o gene BRCA1?

Na segunda pergunta, letra b, sobre a localização do gene BRCA1, no pré-teste, os alunos responderam de forma geral, simplesmente no DNA. Já, no pós-teste, escreveram com ajuda de máquinas e no *link* do GenBank e estas respostas foram apoiadas nas atividades executadas no âmbito da UD. Passamos uma tarde com os alunos no Laboratório de Biologia Molecular da UFSM, durante a OC, onde biólogos/geneticistas explicaram como as sequências de genes eram colocadas no GenBank e apresentaram todos os passos, máquinas e aparelhos utilizados no sequenciamento gênico. Um fato marcante é o de que os alunos mantêm a

concepção errônea de que o gene para câncer de mama é restrito às células das glândulas mamárias.

Questão c -Teste VI

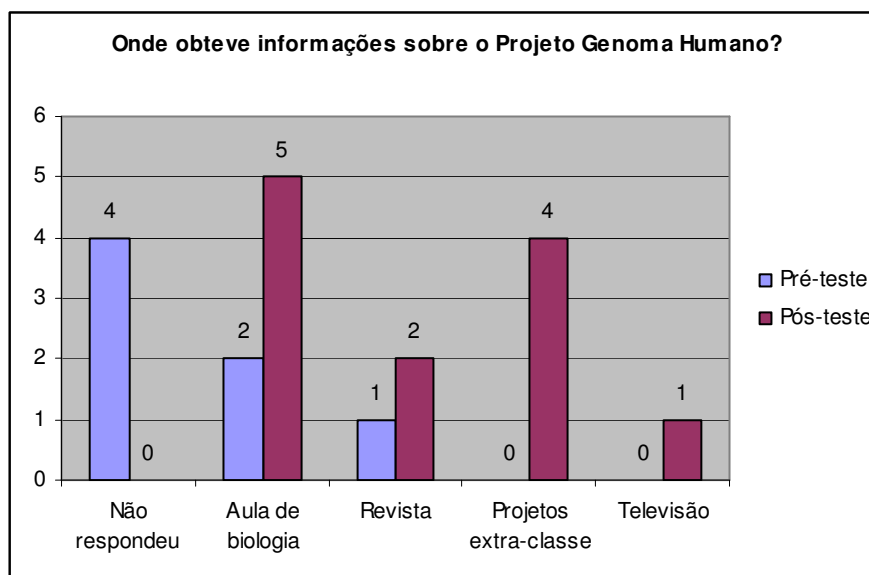


Figura 20 – Categorização das respostas referentes a questão c do teste VI: Onde obteve informações sobre o Projeto Genoma Humano?

Quanto à questão c, relativa às fontes utilizadas pelos alunos para obterem informações sobre o PGH, os alunos as obtêm principalmente nas aulas de biologia e, no caso específico, quando os alunos escreveram projetos extraclasse referiam-se ao presente trabalho de pesquisa, mas, também percebeu-se a contribuição da mídia.

4.1.3 Conclusões gerais dos testes

TESTE I - Proteínas

- Reconheceram que proteínas são formadas por aminoácidos (6 alunos);
- Associaram as proteínas à sua função estrutural (6 alunos);

- Associaram a diversidade dos organismos à quantidade e sequências de aminoácidos (3 alunos);
- Três (3) alunos associaram as diferenças entre as espécies ao exame de DNA;
- Quatro (4) alunos identificaram e explicaram as estruturas primárias, secundárias, terciárias e quaternárias baseando suas respostas nos modelos sobre proteínas trabalhados na UD.

TESTE II - Reconhecendo gene, DNA e síntese de proteínas

- Reconheceram os termos gene-DNA e cromossomo, mas isso não significou que os mesmos estavam impregnados de significados para eles (6 alunos).
- Nos pós-testes, 4 alunos reconheceram os bancos genômicos como depositários da sequência de DNA.
- Nos pós-testes, 5 alunos associaram o conceito de gene ao processo de síntese de proteínas.
- Três alunos acertaram que o RNAm possui a informação para a codificação da proteína.

TESTE III - Síntese de proteínas

- Um único aluno acertou esta questão no pré-teste. No pós-teste, 5 alunos acertaram o esquema de síntese de proteínas.
- No pós-teste 5 alunos acertaram o número de nucleotídeos que codificam um aminoácido e, também na outra questão, no pós-teste, três alunos acertaram que um mesmo aminoácido pode ser codificado por 2 ou mais códons de RNAm.

TESTE IV- Identificação de um gene

- No pós-teste, 5 alunos identificaram a ilustração acertadamente como sequência de DNA.

TESTE V - Encontrando o gene LIMD1

No pré-teste, nenhum aluno identificou o gene LIMD1, agora, no pós teste um aluno respondeu acertadamente que o acesso ao GenBank nos permite identificar o gene LIMD1 e quatro (4) alunos responderam baseados na interpretação do próprio artigo do jornal e apenas um aluno não respondeu.

TESTE VI - Reconhecendo o gene BRCA1 e PGH

Na questão referente à como os geneticistas selecionam genes, os alunos manifestaram suas ideias prévias relativas ao gene para câncer de mama localizado exclusivamente nas glândulas mamárias. E, quanto à resposta de onde podemos encontrar o gene BRCA1, quatro (4) alunos responderam através do uso de máquinas e *links* do GenBank.

Quanto ao conhecimento do PGH, os alunos apontaram, em 1º lugar, as aulas de Biologia; depois, o projeto de pesquisa, revistas e por último a televisão.

4.1.4 Análise das respostas dos alunos na entrevista coletiva

Imediatamente ao término da UD, solicitou-se o depoimento dos 6 alunos participantes da mesma sobre a experiência vivenciada.

Os alunos 1 e 6, nesta reunião, relataram suas dificuldades em Língua Inglesa, enquanto o aluno 1 relata que lembrou conceitos do ano passado e descobriu o NCBI como uma ferramenta confiável de pesquisa. Também, o aluno 2, salientou que conseguiu ligar mais os conceitos e que o inglês não é problema devido aos tradutores *online*.

Quanto ao aluno 3, salientou que esta atividade permitiu que extrapolássemos o ensino tradicional e que teve acesso às informações totalmente novas. A questão do tamanho do gene foi uma novidade para todos, que identificaram, através do NCBI e dos seus *links*, a imensidão das sequências gênicas. Como nos relata o aluno 2: “Na realidade eu não sabia direito o que era gene”.

O maior empecilho dessa atividade, no geral, foi a falta do domínio de inglês, apesar das ferramentas tradutoras *online*, e também a nova nomenclatura que lhes foi apresentada.

Para completar a análise das respostas dos alunos do grupo, acrescentamos a fala do aluno 4, em que afirma que os conceitos aprendidos no Ensino Médio, em Biologia, não apresentam a devida conexão. Apoiados nesta fala, também concordase, pois isso caracteriza um ensino descontextualizado e uma aprendizagem que, por consequência, não é impregnada de significados para os alunos. Essa opinião do aluno 4 também é expressa pelos alunos 2 e 3.

Novamente, reportando-me à fala do aluno 4, que considera importante que os conteúdos escolares se aproximem mais de atividades aplicáveis no cotidiano deles, como no registro do extrato de fala do mesmo:

“Agora, no cursinho, estamos dando Genética e deu para perceber que é muito superficial, é só uma vaga noção da ação dos genes do nosso fenótipo e não nas doenças, em coisas mais aplicáveis mais importantes eu até diria”.

O aluno 4 teve uma participação muito importante nesta pesquisa, pois ele foi efficientíssimo na montagem de um folder sobre o acesso ao GenBank baseado no roteiro explicativo anteriormente distribuído na OC da UD. Todavia, a eficiência do aluno em montar o folder não repercutiu em seus mapas pois eles revelaram dificuldades para a mudança conceitual.

4.1.5 Conclusões sobre a entrevista coletiva

- Dificuldades na língua inglesa (2 alunos). A superação deste obstáculo com o uso dos tradutores *online* e as aulas do Colégio (4 alunos).
- O NCBI reconhecido como uma ferramenta confiável de pesquisa (1 aluno).
- Conexão dos conceitos da síntese de proteínas num *site* (3 alunos).
- Informações novas e significativas (1 aluno).
- Perplexidade ante o tamanho da representação do gene (2 alunos).
- Aplicabilidade do conhecimento aprendido em relação às doenças humanas de ordem gênica (1 aluno).

4.1.6 Análise das entrevistas individuais

Após o término da UD, marcamos, também, uma entrevista individual com os alunos no Laboratório de Biologia do CMSM para que os mesmos pudessem contribuir, sem a influência dos colegas, de forma diferente com relação à entrevista feita coletivamente.

Questão 01 - Qual o conhecimento que você tinha sobre a bioinformática e os termos correlatos desta área?

Os alunos, na sua grande maioria, não tinham tido contato com a Bioinformática. Um único aluno (3) relatou que “sabia que existia”, mas nunca tinha acessado. O aluno 6 achou muito complicado e com muitos termos e considera que o seu “forte” não é Biologia; Também, a dificuldade em relação à nomenclatura foi sinalizada pelos alunos 1 e 4.

Questão 02 - Quais as dificuldades que você sentiu ao acessar o site do NCBI?

No relato oral do aluno 4, fica claro o seu comprometimento com o trabalho realizado na UD:

“Minha dificuldade maior não foi o inglês, a gente sempre arruma um jeito e no Colégio Militar temos uma boa estrutura de inglês, esse tipo de coisa. Acho que não há nenhuma dificuldade. Agora, as ferramentas em si, para tu entenderes o que cada uma quer dizer e ainda o que cada uma vai te proporcionar é um pouco mais complicado, exige um conhecimento, acho que não um conhecimento grande, mas uma boa conexão entre os conceitos que a gente vê meio soltos no Ensino Médio”.

O excesso de nomes na disciplina Biologia vem explicitado, também, na fala do aluno 5:

“No início, a maior dificuldade foi, primeiro, a gente se acostumar com a nomenclatura. Não sabíamos direito e até mesmo o professor Élgion falou: - Tem coisa ali que não temos que saber. Tudo é muito avançado para alunos do Ensino Médio”.

E, ainda, na fala do aluno 6:

“Falta de familiaridade. Quando a gente entra é aquela explosão de coisas, assim é difícil a gente se localizar. Quanto ao inglês tem vários recursos na internet, mais é pela questão dos termos, é muito termo técnico”.

Como nos contempla o relato do aluno 1:

“A maior dificuldade foi o site ser em inglês, mas isso tem como resolver, tem os tradutores online e coisa e tal. Como eu já conhecia os termos da genética, aí eu olhei assim e disse: - Meu Deus, o que eu faço agora? Ia ficar bem perdida se a senhora não tivesse orientado, eu não saberia o que o site queria passar. Acho que foi bom, porque reunia todas as informações numa página só, mostrava a sequência

de bases nitrogenadas, gene, assim todas as informações que a gente aprendeu numa página só”.

O que caracteriza a unanimidade da opinião dos alunos é que, apesar de, no primeiro momento, a questão da Língua Inglesa atuar como uma barreira é resolvida pela facilidade dos tradutores disponíveis. O maior problema é o excesso de nomes que tem a Biologia e que se estendeu para o *site* do NCBI, o que aumentou muito o rol de novas nomenclaturas, para eles compreenderem. Inicialmente, foi uma avalanche de informações, que depois do susto inicial permitiu que eles pudessem explorar o *site* mediante um roteiro prévio.

O relato de que os conceitos de Biologia no Ensino Médio são todos meio soltos, sem conexão foi uma queixa de todos os alunos.

A ideia central desse trabalho ficou expressa na opinião do o aluno 1, que foi a reunião dos conceitos de Biologia Molecular numa página ou *site*, além dele ressaltar a importância da interferência do professor em dar sentido didático a este recurso da internet. Também é um desafio para nós, professores, aproveitarmos a possibilidade de interagir mais com esses “nativos” das tecnologias das comunicações referendado pela fala do aluno 2.

“eu acho que dá para acessar até sozinho, a gente, hoje em dia, vai, clicando, clicando, mexendo e tentando tudo sem medo (...).”

Questão 03 - Foi possível uma integração dos conceitos de DNA, Gene e proteína através do NCBI?

Os alunos identificaram como positivo o fato de terem inúmeras informações num único local, no caso o *site* e em consequência, a possibilidade de integração dos conhecimentos. A possibilidade de ir identificando parte por parte como nos relata o aluno 1:

“(...) porque íamos abrindo parte por parte e vendo nucleotídeos de acordo com as orientações e estão bem na ordem como eram”.

Apesar do aluno 6 ter achado bom e apontar uma outra possibilidade de compreensão dos conceitos de Biologia Molecular, ele acusa a sua dificuldade particular em relação à disciplina de Biologia. E o aluno 5, no momento da entrevista individual, revelou incoerências na sua fala em relação à formação das proteínas:

“O gene é a proteína e o DNA são aquelas coisas, DNA faz nucleotídeos, formam aminoácidos e os nucleotídeos que formam cada três nucleotídeos para formar uma proteína”.

O aluno 3 complementou que essa integração conceitual foi muito produtiva e a sua admiração em relação ao que ele desconhecia sobre os genes, sua extensão e dificuldades de entender e diferenciar éxons e íntrons do gene:

“Eu acho que foi produtivo sim. Quando colocamos o growth hormone aparecia tudo DNA, proteína e gene. Como é grande aquilo, se via tudo. No colégio é tudo solto e, lá no site, a gente via que havia uma integração. Falava tudo sobre o gene. Eu não tinha noção, eu não sabia que existia gene com mais de 2000 letrinhas. E nem tinha uma noção das diferenças entre éxons e íntrons”.

Questão 04 - Qual a sua opinião sobre o trabalho realizado neste semestre?

A grande maioria dos alunos achou interessante, informativo, possibilitando formas de pesquisa (aluno 3) e muito estimulante para os alunos de Ensino Médio terem acesso a este *site* usado pelos cientistas (aluno 4).

O aluno 5 ressaltou os outros *sites*, isto é, durante a OC dessa UD utilizou-se o learning objects da Universidade de Utah (*site*: <http://learn.genetics.utah.edu/es/units/basics/builddna/>), onde eles fizeram uma visita orientada sobre aos termos/conceitos básicos como genes, cromossomos e síntese proteica explicitado na sua fala:

“No início, foi confuso, depois a gente começou a descobrir mais coisas e os sites que a senhora passou sobre o que era gene, ajudou mais por causa das ilustrações e explicações”.

O aluno 6, pela sua fala na entrevista, continuava preocupado e com muita dificuldade em Biologia pela quantidade de nomes novos dentro dessa área de conhecimento e o *site* do NCBI contribui para ele se preocupar ainda mais.

A possibilidade de romper com o ensino tradicional de quadro e giz traz a essa geração uma nova interação com recursos disponíveis na internet, outras metodologias de cunho mais concreto, como nos afirma o aluno 2 na sua fala:

(...) *“A gente não ficou só na teoria, a gente praticou, usou cartolinas, miçanguinhas, foi mais visual, até no site também saiu do quadro (...)”.*

O aluno 1 acrescentou que foi uma boa revisão dos conceitos do ano passado e também acrescentou que esse *site* é de utilidade pública, uma questão pertinente à alfabetização científica e inclusão digital de todos os cidadãos que desejarem consultar sobre enfermidades com um elevado grau de confiabilidade:

“Eu achei o trabalho muito bom. Assim... eu particularmente gosto bastante da Biologia, deu para rever os conceitos que a gente aprendeu no ano passado e novos conceitos. Ele traz informações sobre hormônios, algumas anomalias, má-formação e qualquer pessoa pode acessar o site. Seria interessante que outros alunos tivessem contato, e o trabalho foi muito produtivo”.

Na avaliação desta proposta didática de acesso ao NCBI apontamos que a dificuldade que poderá surgir para outros alunos de Ensino Médio é relativa ao domínio da língua inglesa. Outro entrave que identificamos é o de que, na atualidade, a maioria das escolas brasileiras não está equipada com computadores que possibilitem acesso à internet, embora, na nossa análise, para este pequeno grupo de alunos que vivenciaram esta experiência a mesma se revestiu de muito significado.

4.1.7 Conclusões sobre as entrevistas individuais

Questão 1

- Nenhum dos alunos tinha conhecimento sobre Bioinformática.

Questão 2

- Necessidade de mais tempo para se familiarizar com os termos pertinentes ao *site* (alunos 4, 6);
 - Nomenclatura do NCBI era estranha e complicada (aluno 5);
 - Dificuldade em relação à língua inglesa (1 aluno) os demais resolveram com os tradutores *online* aliada a boa estrutura em relação a língua oferecida pelo Colégio (5 alunos);
 - As informações reunidas num *site* os levaram à possibilidade de estudar a síntese de proteínas de maneira diferenciada (alunos 2, 3 e 4);
 - Aspecto positivo, a orientação passo a passo de acesso ao *site* (aluno 1);

- A predisposição dos alunos em explorar novas ferramentas da informática manifesta pelo aluno 2.

Questão 3

- O aluno 5 em sua entrevista manifestou verbalmente incoerências na compreensão dos conceitos;

- Apresentação dos assuntos parte por parte com o auxílio do roteiro foi apontada como positiva pelo aluno 1;

- O aluno 4 teve relativa dificuldade para compreender os conceitos;

- Os alunos 2, 3, 6 vislumbraram a possibilidade de integração dos assuntos e de reconhecer a extensão e a complexidade das pesquisas sobre o gene através do *site*.

Questão 4

- Trabalho informativo e com um leque de possibilidades de pesquisa (alunos 1, 3, 4);

- Aluno 5, ressaltou, como positivas as atividades desenvolvidas durante a OC, como por exemplo, a montagem de modelos de proteínas e uso dos *learning objects*;

- Aluno 6, apontou que o projeto lhe revelou uma nomenclatura considerada por ele de difícil compreensão, aliado ao que já tinha que estudar na disciplina de Biologia pela parte da manhã no Colégio;

- Aluno 1 considerou o *site* de utilidade pública, pois pode ser usado para pesquisar sobre inúmeras enfermidades gênicas;

- Aluno 2 indicou uma possibilidade de romper com o ensino tradicional através de uma interação significativa com os recursos da internet.

CONCLUSÕES

O grupo de alunos participante desta pesquisa, os quais tiveram contato pela primeira vez com a Bioinformática através do GenBank/NCBI, evidenciaram algumas dificuldades em relação à nomenclatura e simbologia utilizada no *site*. Dificuldades essas justificadas pelo fato da ferramenta significar algo novo para os mesmos. No entanto, classificaram o referido instrumento como interessante e estimulante por se diferenciar das abordagens rotineiras das aulas tradicionais.

As dificuldades apontadas pelos alunos, quanto ao acesso do *site* do GenBank/NCBI, foram em relação ao domínio da língua. Desse modo, mesmo apresentando um domínio razoável em inglês, os mesmos se utilizaram dos tradutores *online* como recurso. Quanto à informática, não demonstraram dificuldades, talvez pelo fato de que a mesma faz parte do cotidiano dos alunos. Sobre a integração dos conceitos genes, DNA e proteínas, os alunos 2, 3 e 6 demonstraram um aproveitamento significativo em relação a esse assunto, ou seja, compreenderam de forma mais integrada a síntese de proteínas, o que lhes possibilitou conhecer a extensão e a complexidade das pesquisas sobre os genes através do NCBI. Em relação às concepções sobre as proteínas, foi possível perceber que os alunos as restringem a função estrutural. Associaram com relativa facilidade genes a DNA. Entretanto, apresentaram dificuldades em identificar hormônios e enzimas como produtos gênicos. Na AC, os alunos assistiram durante 15 minutos ao filme “Little People Big World: The family Roloff”, em que identificaram duas doenças gênicas: acondroplasia e displasia, ambas relacionadas ao hormônio do crescimento, após realizaram uma pesquisa junto ao NCBI, utilizando os *links*: OMIM, Entrez Gene, RefSeq., Protein e Nomenclature. Como resultados, todos os alunos acessaram e identificaram corretamente o nome as doenças e os cromossomos a elas relacionados.

No pós-teste foram utilizados para pesquisa no GenBank os genes LIMD1 e BRCA1 ambos presentes no pós-teste V e VI respectivamente. Todos os alunos conseguiram encontrá-los através dos *sites* do NCBI, identificando a localização dos genes nos cromossomos e também descrevendo características dos mesmos. Os

resultados desta pesquisa, realizada com sucesso, foram enviados para o endereço eletrônico da pesquisadora.

Salienta-se que todos os alunos, utilizando o roteiro, acessaram corretamente a ferramenta OMIM e os *links* do Entrez Gene, identificando e localizando a acondroplasia, displasia e os genes LIMD1 e BRCA1. Justifica-se o sucesso nessa tarefa pela familiaridade dos mesmos com o uso dos recursos propiciados pela informática.

O aluno 4 confeccionou (recortou, colou e pesquisou na internet cada uma das ferramentas tendo como base o roteiro trabalhado durante a OC) um folheto contendo objetivos, histórico e os caminhos para acessar o NCBI (Anexo C).

Para três alunos participantes dessa pesquisa, essa experiência se revestiu de significado especial, haja vista os mapas elaborados por eles no final do desenvolvimento da UD. Demonstraram, por meio dessa ação, compreensão dos conceitos ao estabelecerem as proposições corretas, utilizando os termos de ligação, que esclareceram a subordinação entre as palavras-conceitos: Genes, DNA, RNA, Proteínas, Aminoácidos, Enzimas e Hormônios. Porém, em relação aos demais, pode-se inferir ser necessária uma retomada das suas dificuldades conceituais básicas de Genética, nos conceitos sobre síntese de proteínas que, se não sanadas, dificultarão, no futuro, o estabelecimento de conexões com outros assuntos pertinentes à hereditariedade.

Ainda que três alunos não tenham alcançado os resultados esperados, esta experiência aponta para a necessidade de ferramentas didáticas diversificadas, principalmente as amparadas em recursos da informática, estratégias estas condizentes com o perfil dos alunos na atualidade, inseridos, na sua maioria, em uma sociedade digitalizada.

Acrescenta-se ainda que a proposta de trabalho com o GenBank, nesta pesquisa, foi uma experiência fora da rotina do grupo dos seis (6) alunos. Portanto, essa estratégia não foi suficiente para que ocorresse uma mudança conceitual significativa em todos os alunos. Entretanto, o acesso ao GenBank/NCBI foi informativo e, mais do que isso, colocou o aluno do ensino médio em contato e frente à novas tecnologias da Bioinformática.

Analisando o contexto das escolas brasileiras de ensino médio, em geral, identifica-se que a maioria está sendo informatizada. Essa informação é justificada por meio de projetos como o Programa Nacional de Tecnologia Educacional-ProInfo

(<http://portal.mec.gov.br/index.php?option=com>) criado em 1997, com o objetivo de promover o uso pedagógico da informática na rede pública de educação básica. Registra-se, entretanto, que pouco mais da metade das escolas brasileiras possuem acesso à internet (PIRES, 2010). Assim, frequentemente tem-se conhecimento, através dos veículos de comunicação, de que em determinada escola existe um laboratório de informática, porém essa informação é acompanhada da denúncia da falta de profissional qualificado para colocá-lo em condições operacionais. Essa também é uma questão contundente: a formação do professor. Diante dessa realidade, não são preocupantes apenas as dificuldades com o domínio das ferramentas da informática por parte dos professores. Pois, constata-se infelizmente, até a presente data, que os computadores nas escolas continuam subutilizados por distintos motivos, que dependem menos da presença da tecnologia na escola e mais de aspectos políticos pedagógicos e de uma adequada formação dos educadores segundo Almeida (2009).

Na atualidade, os docentes, grandes responsáveis pela condução do processo de ensino e aprendizagem, deparam-se com a rapidez do conhecimento científico, especialmente na área de Genética. Situação essa que exige dos educadores uma maior agilidade na atualização dos conteúdos. Aliado a este fato, pesquisas apontam que os tópicos de Genética estão entre os assuntos que os professores de ensino médio têm maiores dificuldades (MAYER et al., 2000). Portanto, é na esfera da produção de conhecimentos (pesquisa acadêmica), aliada à formação do professor, inicial e continuada e com auxílio de novas estratégias didáticas, para abordar assuntos como o enfocado neste trabalho, é que devem ser implantadas alternativas para modificar o panorama da educação em Biologia. Dessa forma, o professor estará colaborando na construção de novos saberes escolares aliado a outros saberes, sendo fundamental o restabelecimento das interações entre ambos, dando destaque aos pesquisadores (tanto ligados à educação quanto à bancada).

Corroboramos nossa conclusão com a posição de Goldbach e Macedo (2007) com relação a necessidade de cursos de atualização para professores e do uso de estratégias diversificadas, como a utilização do recurso da informática, para auxiliar nesta complexa empreitada de melhorar o ensino da Genética na escola média.

Acredita-se, ainda, que futuramente a atividade didática proposta neste trabalho apresente amplas possibilidades de ser aplicada em escolas da rede

pública de ensino médio, desde que, devidamente equipadas com laboratórios de informática. Registra-se a promessa recente do secretário do MEC de Educação à Distância, Carlos Bielschowsky (2010) em possibilitar o acesso à internet a 92% das escolas até 2011. Entretanto, sabe-se que a implementação da Bioinformática na escola média é uma abordagem nova, esbarrando em velhos problemas como: carga horária excessiva do professor e falta de tempo para elaborar planejamentos didáticos; ainda, o professor geralmente trabalha em duas ou mais escolas, ministrando aulas seguindo rigorosamente os índices dos livros didáticos. Aliada a isto, tem-se as dificuldades do professor em frequentar cursos de atualização e muitas vezes a própria estrutura organizacional da escola é impeditiva quando da proposição de atividades que saiam da rotina da aula tradicional.

PERSPECTIVAS

A divulgação deste estudo se dará, principalmente, por meio do artigo: Utilizando o GenBank como integrador de conceitos de Biologia Molecular, publicado na revista Genética na Escola, disponível no *site* www.geneticanaescola no link www.slideshare.net com o roteiro passo- a -passo o acesso ao GenBank, disponível no *site* www.utlizandogenbank.rg3.net ou na busca da internet, utilizando www.slideshare.net/rosanetr/utilizandoogenbank, permite o acesso aos 49 slides que discriminam os *links* de acesso do NCBI utilizados nesta pesquisa. Ainda como fruto dessa pesquisa, tem-se um Caderno Didático que reúne onze (11) planos instrucionais da UD que estará disponível na Home Page: <http://w3.ufsm.br/ppgecq> do Programa de Pós-Graduação em Educação em Ciências: Química da Vida e Saúde, no *link* produção técnica, para que outros professores os apliquem em diferentes contextos escolares.

Através dessas ações, espera-se cumprir com nosso compromisso social, ou seja, divulgar os trabalhos científicos que a universidade nos possibilita realizar, compartilhando, dessa forma, os resultados com a comunidade em geral e, em especial, com os professores. Nesse caso, os docentes da educação básica, que são os responsáveis pela formação de um grande contingente de alunos, principalmente das escolas públicas.

Portanto, através deste trabalho, pretendeu-se contribuir para o ensino de Biologia.

REFERÊNCIAS

ALMEIDA, F.C.P. de; SOUZA, A.R. de; URENDA, P.A.V. Mapas conceituais: avaliando a compreensão dos alunos sobre o experimento fotoelétrico. ENPEC - ENCONTRO NACIONAL DE PESQUISA DE EDUCAÇÃO EM CIÊNCIAS, 4, **Atas**. Bauru: ABRAPEC, 2003.

ALMEIDA, M.E.B.de. Tecnologias na Educação: dos caminhos trilhados aos atuais desafios. **Bolema**, Rio Claro (SP), Ano 21, n. 29, 2008, p. 99-129.

AYUSO, G.E; BANET, E. Alternativas a la enseñanza de la genética en educación secundaria. **Enseñanza de La Ciencias**. v. 20, n. 1, p. 133-157, Barcelona, 2002.

AMORIM, M.A.L.; ROSA, R.T.N. da. Trabalhando com escalas no ensino de Citologia. ENCONTRO PERSPECTIVAS DO ENSINO DE BIOLOGIA, 7, **Coletâneas**. FAE-USP, São Paulo, 2000, p. 294-296.

AMORIM, A.C.R. et al. (org.). **Caderno de programas e resumos**. ENCONTRO PERSPECTIVAS DO ENSINO DE BIOLOGIA, 9. Campinas, SP: Graf. FE, 2004.

AMORIM, A.C.R.; SOUZA, L.B. de S. (org.). **Caderno de programas e resumos**. ENCONTRO "PERSPECTIVAS DO ENSINO DE BIOLOGIA", 10, Campinas, SP: FE/UNICAMP, 2006.

AUSUBEL, D; NOVAK, J.; HANESIAN, H. **Psicologia educativa**: un punto de vista cognoscitivo. México: Trillas, 1983.

AUSUBEL, D.P. et al. **Psicologia educacional**. Rio de Janeiro: Interamericana, 1980.

BANNET, E. La enseñanza y el aprendizaje del conocimiento biológico. In: PERACLES, F.; CANAL, P. **Didáctica de las ciencias experimentales**. Alcoy: Ed. Marfil, 2000. Cap. 19.

BANNET, E.; AYUSO, E. Introducción a la genética em la Enseñanza Secundari y bachillerato I. contenidos de enseñanza y conocimientos de los alumnos. **Enseñanza de las Ciências**. v. 13, n. 2, p. 137-153, 1995.

BANNET, E.; NÚÑEZ, F. Esquemas conceptuales de los alumnos sobre la respiración. **Ensenanza de las Ciências**. v. 8, n. 2, p.105-110, 1990.

BARDIN, L. **Análise de conteúdo**. Lisboa: Edições 70, 1977.

BECKER, F. O que é construtivismo? **Revista de Educação**. AEC, Brasília, v. 21, n. 83, p. 7-15, abr/jun. 1992.

BIELSHOWSKY, C. **MEC lançará Portal do aluno nas próximas semanas**. 2010. Disponível em: <http://www.tecnologia.terra.com.br/noticias/o,,ol4403463-EI1288400.htm>. Acesso em: 12 abril 2011.

BOGDAN, R.; BIKLEN, S. **Investigação qualitativa em educação**. Portugal. Porto Editora Ltda, 1994.

BORGES, J. C. F.; CALDEIRA, M. A. Genética no ensino médio. ENCONTRO DO ENSINO DE BIOLOGIA E ENCONTRO REGIONAL DE ENSINO DE BIOLOGIA, 10. **Atas**. São Paulo: FEUSP, 2006.

BRASIL. **Lei de Diretrizes e Bases da Educação Nacional**, Lei nº 9.394, de 20 de dezembro de 1996. Disponível em: http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/Leis/L9394.htm. Acesso em: 20 jan. 2010.

_____. MEC/SEB. **Orientações curriculares para o ensino médio**: ciências da natureza, matemática e suas tecnologias. Secretaria de Educação Básica. Brasília: Ministério da Educação, Secretaria de Educação Básica, 2006. v. 2.

_____. MEC/SEMTEC. **PCN+**: ciências da natureza, matemática e suas tecnologias. Secretaria de Educação Média e Tecnológica. Brasília: MEC/SEMTEC, 2002.

CAMPOS, M.C. da C.; NIGRO, R.G. **Didática de Ciências**: o ensino e a aprendizagem como investigação. São Paulo, FTD, 1999.

CARELLI, G. Genética não é espelho. **Revista VEJA**, ano 42, n. 16 p. 89, abril, 2009.

CARNEIRO, L.R.C.; SILVEIRIA, R.V.M. Um jogo de interpretação (RPG) para o ensino de Genética: "Em busca do gene perdido". EPEB - ENCONTRO PERSPECTIVAS DO ENSINO DE BIOLOGIA, 9. FE (USP), **Atas**. São Paulo, 2004.

CARVALHO, J.C. de Q.; BOSSOLAN, N.R.S. Algumas concepções de alunos do ensino médio a respeito de proteínas. ENPEC - ENCONTRO NACIONAL DE PESQUISA EM EDUCAÇÃO EM CIÊNCIAS, 7, **Atas**, 2009.

CIAMPI, M.B. **A Biologia nos livros didáticos**: analisando os conteúdos de genética. Botucatu. 2000, 63p. Monografia (Graduação em Licenciatura em Ciências Biológicas) - Instituto de Biociências. Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 2002.

DELIZOICOV, D. **Concepção problematizadora do ensino de ciência na educação formal**. Dissertação (Mestrado em Ciências) - IFUSP/FEUSP, São Paulo, 1982.

DELIZOICOV, D.; ANGOTTI, J.A.P. **Física**. São Paulo: Cortez, 1992. (Coleção Magistério 2º grau).

_____. **Metodologia o ensino de ciências**. São Paulo: Cortez, 1994. (Coleção Magistério 2º grau).

DELIZOICOV, D.; ANGOTTI, J.A.P.; PERNAMBUCO, M.M. **Ensino de ciências: fundamentos e métodos**. 2.ed. São Paulo: Cortez, 2007.

DRIVER, R. Y.; ESLEY, J. Pupils and paradigms: a review of literature related to concept development in adolescent science students. **Studies in Science Education**. 5, p.61-84, 1978.

FAMILIA ROLOF. Disponível em: <http://www.discoverybrasil.com/homeandhealth/natv/a-pequena-grande-familia>. Acesso em: 10 jan. 2010.

FARAH, S. B. **DNA: segredos & mistérios**. 2.ed. São Paulo: Sarvier, 2007.

FARIA, W. de. **Mapas conceituais**: aplicação ao ensino; currículo e avaliação. São Paulo: Cortez. 1995. (Coleção Magistério 2º grau).

GALOGOVSKEY, L. R. Redes conceptuales: base teórica e implicaciones para el proceso de Enseñanza-Aprendizaje de las Ciências **Enseñanza de las Ciências**. Barcelona, v. 11, n. 3, p. 301-307. 1993.

GARRIDO, E. *et al.* A sala de aula como espaço de construção cognitiva, de interação e desenvolvimento social dos sujeitos: o vídeo como recurso metodológico. CONGRESSO DE CIÊNCIAS HUMANAS, LETRAS E ARTES, 5, Ouro Preto MG, 1991. Disponível em: <http://www.ichs.ufop.br/conifes/anais/EDU/ed2308.htm>. Acesso em: 20 agosto, 2010.

GOLDBACH, T.; MACEDO. A.G.A. Olhares e tendências na produção acadêmica nacional envolvendo o ensino de genética e de temáticas afins: contribuições para uma nova “genética escolar”. ENCONTRO NACIONAL DE PESQUISAS EM ENSINO DE CIÊNCIAS, 6, **Atas**. Florianópolis, SC, 2007.

GOLDBACH, T.; SARDINHA, R; DYZARS, F; FONSECA, M. **Problemas e desafios para o ensino de genética e temas afins no ensino médio**: dos levantamentos aos resultados de um grupo focal. Disponível em: <http://www.foco.fae.ufmg.br/conferência/index.pph/viienepec/paper/viewfile/9921446>. Acesso em: 03 nov. 2009.

GUIMARÃES, M.A. Usando o biology Workbench. EPEB - ENCONTRO PERSPECTIVAS DO ENSINO DE BIOLOGIA FACULDADE DE EDUCAÇÃO DA USP - 9, **Caderno de Programas e Resumos**. São Paulo: Gráf. FE/UNICAMP, 2004.

HEWSON, P. W. Constructivism and reflexive e practice in science education. In: MONTERO, L. Y.; VEZ, J.M. **Las didácticas específicas en la formación del profesorado**. Santiago: ed. Tórculo, 1981.

INHELDER, B.; PIAGET, J. **De la lógica del niño a la lógica del adolescente**. Buenos Aires: Paidós, 1972.

JONES, M. G.; CARTER, G.; RUA, M.J. Childre`s concepts: Tools for transforming science teachers knowledge, **Science Education** , v.83 ,n.5, p. 545-557, 1999.

LATHE, W.C.; WILLIAMS, J.M., MANGAN, M.E. In: KAROLCHIK, D. Genomic Data Resources: Challenges and Promisse. **Nature Educations**. v.1, n. 13. p. 27-29, 2008.

LAWSON, A. E. Uso de los ciclos de aprendizaje para la enseñanza de destrezas de razonamiento científico y de sistemas conceptuales. **Enseñanza de las Ciências**. Barcelona, v. 12, n. 2, p.165-187. 1994.

LEWIS, J.; LEACH, J. and C. WOOD-ROBINSON.. All in the genes? Young people's understanding of the natures of genes. **Journal of Biological Education**, v.34, n.2, p.74-79, 2000.

LIMA, A. de C.; PINTON, M.R.G.M.; CHAVES, A.C.L. O entendimento e a imagem de três conceitos: DNA, gene e cromossomo no ensino médio, ENPEC - ENCONTRO NACIONAL DE EDUCAÇÃO EM ENSINO DE CIÊNCIAS, 7, **CD-Rom**, 2007.

LORETO, É. L. S.; SEPEL, L. M. N. A Escola na era do DNA e da Genética. **Ciência & Ambiente**. Santa Maria, jan./jun. 2003.

LÜDKE, M.; ANDRÉ, M. E. D. A. **Pesquisa em educação**: abordagens qualitativas. São Paulo: EPU, 1986. (Temas básicos de educação e ensino).

MAYER, M.; LEÃO, A.M.A.C.; JÓFILI, Z.M.S. Os descompassos entre os PCN's e a formação dos professores de Biologia. In: ENCONTRO "PERSPECTIVAS DO ENSINO DE BIOLOGIA" (EPEB). 7, 2000, São Paulo. **Coletânea**, São Paulo: Faculdade de Educação, Universidade de São Paulo, p. 43-47, 2000

MARTINEZ-GRACIA, M.V.; GIL-QUÍLEZ, M.J.; OSADA, J. Analysis of molecular genetics content in spanish secondary school textbooks. **Journal of Biological Education**. v. 40, n. 2, p. 53-60, 2006.

MOREIRA, M.A. Mapas Conceituais. **Caderno Catarinense de Ensino de Física** Florianópolis, v. 3, p. 17-25, abr. 1986.

MOREIRA, M. A.; MOSQUERA, J.; BORDAS, M.; BECKER, F. Aprendizagem: Perspectivas Teóricas. In: **A teoria de aprendizagem de David Ausubel**. 2.ed. Porto Alegre: Editora da UFRGS, 1987. Cap. 5, p. 127-143.

MOREIRA, M. A.; MOSQUERA, J.; BORDAS, M.; BECKER, F. **Teorias de aprendizagem**. São Paulo: Editora Pedagógica e Universitária Ltda, 1999.

_____. **Mapas conceituais & diagramas V**. Porto Alegre: Editora do Autor, 2006.

MOREIRA, M. A.; MASINI, E. F. S. **Aprendizagem significativa**: a teoria de David Ausubel. São Paulo: Editora Moraes Ltda, 1982.

MORTIMER, E. F. **Linguagem e formação de conceitos no ensino de ciências**. Belo Horizonte: Editora da UFMG, 2000.

MUENCHEN, C. **A disseminação dos três momentos pedagógicos**: um estudo sobre práticas docentes na região de Santa Maria/RS. Tese. 2010. (Doutorado em Educação Científica e Tecnológica) - Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, 2010.

NOVAK, J.; GOWIN, B. **Aprendiendo a aprender**. Espanha: Martinez Roca, 1988.

_____. **Aprender a aprender**. Lisboa: Plátano Edições Técnicas, 1996.

NOVAK, J. D. Concept Mapping: A useful for Science Education. **Journal of Research in Science Teaching**. v. 10, n. 27, p.937-949. 1990.

PEDRANCINI, V. D.; CORAZZA-NUNES, M.J.; GALUCH, M.T.B.; MOREIRA, A.L.O.R.; RIBEIRO, A. C. Ensino e aprendizagem de Biologia no ensino médio e a apropriação do saber científico e biotecnológico. **Revista Eletrônica de Enseñanza de las Ciências**. v.6. n. 2, p. 299-309, 2007. Disponível em: <http://www.saum.uvigo.es/reec/>

PEVZNER, P.; SHAMIR, R. Computing has changed biology: biology education must Catch Up. **Science**. v. 325, p.541-542, 2009.

PIAGET, J. **Biology and knowledge**. Chicago: University of Chicago press, 1971.

PIRES, M.T. **Metade das escolas brasileiras ainda precisa de internet**. 2010. Disponível em: <http://www.veja.abril.com.br/noticias/brasil/metade-escolas-brasileiras-ainda-precisa-internet>. Acesso em: 12 abril 2011.

PRIMON, C. S. F.; REZENDE, D. de B. Conhecimento de graduandos do último semestre de cursos de licenciatura em Ciências Biológicas sobre DNA e RNA. ENPEC - ENCONTRO NACIONAL DE EDUCAÇÃO EM ENSINO DE CIÊNCIAS, 7, **CD-Rom**, 2009.

ROSA, R.T.N. da; LORETO, E.L.S. **Utilizando o GenBank como integrador de conceitos de Biologia molecular**, 2010

Disponível em: <http://www.geneticanaescola.com.br/Ano5vol2.htm>

SANTOS, M.E.V.M dos. **Mudança conceitual na sala de aula**: um desafio pedagógico. Lisboa: Livros Horizontes, 1991.

SANTOS, V.C. dos; EL-HANI, C.N. Ideias sobre genes em livros didáticos de biologia do ensino médio publicados no Brasil. ENPEC - ENCONTRO NACIONAL DE EDUCAÇÃO EM ENSINO DE CIÊNCIAS, 7, **Atas**, 2007.

SCHEID, N.M.J. et al. História da ciência no ensino da genética: uma possibilidade de mudança na concepção de ciência dos graduandos de um curso de ciências biológicas. ENCONTRO PERSPECTIVAS DO ENSINO DE BIOLOGIA, 9, **Atas** São Paulo: FEUSP, 2004.

SUNDBERG, M.D. Assessing Student Learning. **Cell Biology Education**. v.1, p. 11-15, Spring/Summer, 2002.

TEIXEIRA, G.A.; CARVALHO, L.G. Biologia molecular na sala de aula: um diagnóstico. ENCONTRO PERSPECTIVAS DO ENSINO DE BIOLOGIA E ENCONTRO REGIONAL DE ENSINO DE BIOLOGIA. 10, **Atas**. São Paulo: FEUSP, 2006.

TRIVIÑOS, A.N.S. **Introdução à pesquisa em ciências sociais**: a pesquisa qualitativa em educação. São Paulo: Atlas, 2007.

TURNEY, J. The public understanding of genetics: where next? **European Journal of Genetics and Society**, v. 1, n. 2, p. 5-20. 1995.

VILAS-BOAS, A. Conceitos errôneos de genética em livros didáticos do ensino médio. **Genética na Escola**. Sociedade Brasileira de Genética, 2005. Disponível em: <http://www.geneticanaescola.com.br/menuRevista.html>. Acesso em: 15 dez.2010.

XAVIER, M.C.F.; FREIRE, A. de S.; MORAES, M.O. A nova (moderna) biologia e a genética nos livros didáticos de biologia no ensino médio, **Ciência & Educação**. v.12, n.3, p.275-289, 2006.

WOOD-ROBINSON, C.; LEWIS, J., LEACH, J. Y. R. DRIVER. Genética y formación científica: resultados de un proyecto de investigación y sus implicaciones sobre los programas escolares y La enseñanza. **Enseñanza de las Ciencias**, v.16, n.1, p. 43-61, 1998.

ANEXOS

ANEXO A – Termo de Consentimento Livre e Esclarecido

DOS GENES ÀS PROTEINAS: EXPLORANDO O GENBANK COM ALUNOS DO ENSINO MÉDIO

Pesquisador (a): Rosane Teresinha Nascimento da Rosa e-mail:
rosanetr@hotmail.com

Orientador (a): Élgion Lúcio da Silva Loreto
e-mail: elgionl@gmail.com

Telefone para contato: (55) 3220 -8912

Caro aluno (a) e pais ou responsáveis: você está sendo convidado para participar, como voluntário, em uma pesquisa do doutorado do PPG Educação em Ciências: Química da Vida e Saúde da Universidade Federal de Santa Maria. Antes de concordar em participar, é importante que você entenda as informações e instruções contidas neste documento.

Objetivo da pesquisa: esta pesquisa tem como objetivo possibilitar aos alunos (as) um conhecimento mais concreto e integrado sobre os genes, que são o principal objeto de estudo da Biologia Molecular.

Procedimentos para a execução da pesquisa: a pesquisa é de abordagem qualitativa e os participantes serão alunos (as) do 2º ano do ensino médio do Colégio Militar de Santa Maria - CMSM. A participação dos alunos nesta pesquisa consistirá em assistir aulas, elaborar atividades didáticas, responder a testes e perguntas propostos pelos orientadores, aprender a acessar ao GenBank (NCBI.gov) e trabalhar com as ferramentas OMIM e Entrez Gene, entrevistar geneticistas e reconhecer as técnicas utilizadas no laboratório de Biologia Molecular da UFSM. Para a coleta de dados serão utilizados, pré-testes e pós-testes, que serão aplicados aos alunos (as) e entrevistas semi-estruturadas, sem roteiro pré-elaborado, no decorrer e final da aplicação da Unidade Didática (UD), para coletar as opiniões dos alunos (as) sobre o conjunto das 20 horas-aulas recebidas. As entrevistas serão gravadas e filmadas em fita cassete e transcritas, posteriormente. Após a transcrição, as mesmas serão desgravadas, garantindo, assim, a privacidade dos participantes e o sigilo das informações.

Enfatiza-se que os dados obtidos com a aplicação dos instrumentos investigativos serão objetos de tratamento individual. Logo, será necessária a

identificação dos participantes por números ou letras para preservar suas identidades e somente o nome do Colégio Militar e série dos alunos serão citados.

Os pesquisadores concordam, igualmente, que estas informações serão utilizadas única e exclusivamente para execução do presente projeto e das publicações resultantes dele. As informações somente poderão ser divulgadas de forma anônima e os dados brutos (questionários e transcrições) serão mantidas no Departamento de Biologia em um armário chaveado, na sala 3210 do prédio 16 A, por um período de quatro anos, sob a responsabilidade do Orientador Prof. Dr. Élgion Lúcio da Silva Loreto. Após este período, os dados serão destruídos.

Fui informado (a) ainda:

- Dos **benefícios** do presente estudo: Eles vão proporcionar um maior conhecimento sobre o tema abordado, com benefício direto para mim aluno (a) e ou / filho (a) no seu aprendizado na disciplina de Biologia. Fui esclarecido que os **riscos** previsíveis que existem são de que o aluno (a) que participar deste projeto poderá ficar nervoso ao responder aos testes e perguntas, assim como perder um pouco da naturalidade ao ser filmado durante o desenvolvimento das atividades didáticas propostas no projeto. Os **benefícios** esperados possibilitam um melhor entendimento dos conceitos que integram a Biologia Molecular, contribuindo para uma reflexão sobre novos caminhos nesta área, no processo de ensino-aprendizagem, que sejam compatíveis com o conhecimento científico mais atualizado.

- Do **sigilo** que assegura a privacidade dos dados coletados nos pré e pós-testes e da minha imagem e da **liberdade** ou não de participar mais da pesquisa, tendo assegurado esta liberdade sem quaisquer represálias atuais ou futuras, podendo retirar meu consentimento em qualquer etapa do estudo, sem nenhum tipo de penalização ou prejuízo.

- Da **segurança** de que não serei identificado (a), e de que se manterá o caráter confidencial de informações relacionadas à minha privacidade, para proteção de minha imagem.

- Da garantia de que as informações **não** serão utilizadas em meu **prejuízo**;

- Da liberdade de acesso aos dados do estudo em qualquer etapa da pesquisa;

- De que não terei nenhum tipo de despesas econômicas, bem como não receberei nenhuma indenização pela minha participação na pesquisa.

- Autorizo a gravação e filmagem do conjunto de aulas que meu filho (a) vai participar neste projeto, apesar delas serem desgravadas logo após serem transcritas.

Nestes termos e considerando-me livre e esclarecido (a), consinto em participar da pesquisa proposta, resguardando à autora do projeto propriedade intelectual das informações geradas e expressando concordância com a divulgação pública dos resultados, sem qualquer identificação dos sujeitos participantes.

O presente documento está em conformidade com a Resolução 196/96 do Conselho Nacional de Saúde. Será assinado em duas vias, de teor igual, ficando uma em poder do participante da pesquisa e outra em poder dos pesquisadores.

Eu.....RG n° CPF n°do Colégio Militar de Santa Maria (RS) concordo em participar do estudo. Fui devidamente informado e esclarecido pelo pesquisador.

Local e data

Assinatura dos pais ou responsável e Nº de identidade

Local e data:.....

Assentimento do adolescente e Nº da identidade

(somente para o responsável do projeto)

Declaro que obtive de forma apropriada e voluntária o Consentimento Livre e Esclarecido deste sujeito de pesquisa e do seu representante legal para a participação neste estudo.

Nome e assinatura do responsável pelo projeto

Santa Maria, _____ de _____ de 2009

Se você tiver alguma consideração ou dúvida sobre a ética da pesquisa, entre em contato:

Comitê de Ética em Pesquisa - CEP-UFSM. Av. Roraima, 1000 - Prédio da Reitoria – 7º andar – Campus Universitário – 97105-900 – Santa Maria-RS - tel.: (55) 32209362 - email: comiteeticapesquisa@mail.ufsm.br

ANEXO B – Termo de Confidencialidade

Título do projeto: **DOS GENES AS PROTEÍNAS: EXPLORANDO O GENBANK COM ALUNOS DO ENSINO MÉDIO**

Pesquisador responsável: Élgion Lúcio da Silva Loreto

Instituição/Departamento: UFSM/ Biologia

Telefone para contato: (55) 3220-8912

Local da coleta de dados: Colégio Militar de Santa Maria-RS

Os pesquisadores do presente projeto se comprometem a preservar a privacidade dos participantes, cujos dados serão coletados através de filmagens e gravações de uma Unidade Didática de 20 horas aulas e resolução de pré-testes e pós-teste de lápis e papel. Concordam, igualmente, que estas informações serão utilizadas na execução do presente projeto e das publicações resultantes dele. As informações somente poderão ser divulgadas de forma anônima e os dados brutos (questionários e transcrições) serão mantidas no Departamento de Biologia por um período de quatro anos sob a responsabilidade do Prof. Dr. Élgion Lúcio da Silva Loreto. Após este período, os dados serão destruídos. Este projeto de pesquisa foi revisado e aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa da UFSM em/...../....., com o número do CAAE 0185.0.243.000-09.

Élgion Lúcio da Silva Loreto

RG nº9014693999/RS

ANEXO C – Folder montado pelo aluno 4***Utilizando o NCBI como
integrador dos Conceitos
de Biologia Molecular***

**Biotecnologia + Info
=
Bioinformática**

***Biotecnologia e Bioinformática:***

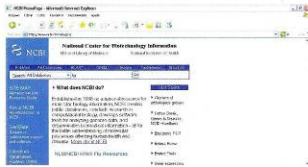
A bioinformática é ainda considerada uma recente subdivisão da biotecnologia e representa o “casamento” da biotecnologia com a informática. De modo simples, bioinformática consiste no depósito e análise de seqüências genéticas em bancos de dados e conseqüente manipulação e análise destas seqüências com a utilização de software específicos.

***Objetivos:***

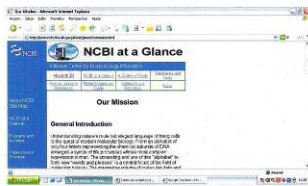
O estabelecimento de bancos de dados públicos possibilita que os cientistas possam ter acesso à informação proveniente de outros laboratórios e possam também trocar e compartilhar seqüências genéticas. Todos os dias novas seqüências são depositadas no banco de dados públicos do NCBI, o chamado GenBank. A bioinformática tem revolucionado o desenvolvimento da pesquisa médico-biológica e tem possibilitado que novas descobertas relevantes sejam realizadas quase todos os dias.

O que é NCBI?

Foi fundado em 1988 como um recurso nacional para informações sobre biologia molecular. O NCBI cria uma base de dados públicos, realiza investigação em Biologia computacional, desenvolve software para análise de dados do genoma e dissemina informações biomédicas, tudo para melhor compreensão dos processos moleculares das doenças que afetam a saúde humana.



Como um recurso nacional para informações sobre biologia molecular, o NCBI tem a missão de desenvolver novas tecnologias de informação para auxiliar na compreensão dos processos genéticos e moleculares que controlam a saúde. Mais especificamente, o NCBI foi carregado com a criação de sistemas automatizados para armazenar e analisar os conhecimentos sobre a biologia molecular, bioquímica e genética; facilitar a utilização deste tipo de bases de dados e softwares através da investigação da comunidade médica; coordenando os esforços para recolher informação, tanto a nível nacional quanto a biotecnologia internacional; e realizando pesquisas em métodos avançados de processamento de informação baseado em computador para analisar a estrutura e função de moléculas biologicamente importante.



Ferramentas do NCBI

-OMIN:

A OMIN (Online Mendelian Inheritance in Man) é um abrangente resumo dos genes humanos e do fenótipo genómico. Possui todos os distúrbios Mendelianos, bem como, um banco de mais de 12.000 genes, sendo atualizados diariamente. Esta ferramenta é muito utilizada por médicos, e também por outros profissionais envolvidos com doenças genéticas.

- Entrez Gene:

Esta ferramenta possibilita o conhecimento mais aprofundado de um determinado gene. Não possui todos os genes, mas sim aqueles genomas que são completamente seqüenciados, ou que a comunidade está em investigação ativa para o anexo de dados, ou aqueles que terão mais probabilidade se serem analisados.

- Nomenclature:

Para que cada gene seja identificado é necessário um nome, até mesmo para facilitar a comunicação entre membros da comunidade científica, como os médicos por exemplo. Atualmente há mais de vinte e cinco mil nomes (símbolos) já aprovados, e na sua maioria são para codificação de proteínas, genes, e também para incluir, símbolos para pseudogenes, RNAs não-codificantes, e características fenotípicas e genotípicas. Tem como principal objetivo, hoje, nomear os genes apresentados pelo Projeto Genoma Humano, além de novos símbolos individuais solicitados pelos cientistas, revistas (por exemplo: Genomics, Nature Genetics) e bases de dados (por exemplo: Ensembl, Entrez Gene, MGD, RGD e OMIM).

- RefSeq:

O RefSeq (Reference Sequence), é uma coleção de dna's, ma's, proteínas e seqüências de diversos táxons, como plasmídeos, organelas, vírus, Archaea, bactérias e eucariotos. O objetivo é fornecer um abrangente padrão de dados que representa uma seqüência de informações das espécies.

- Protein:

Este recurso entra na pesquisa e no sistema de recuperação que vem sendo compilados de uma variedade de fontes como SwissProt, PIR, PRF, APO, e traduções de regiões codificantes anotada no GenBank e RefSeq da outra ferramenta: entrez.

Orientador / Colaborador:

Prof. Dr. Élgiom Lucio da Silva Loreto (1, 2)

Orientadora:

Rosane Teresinha Nascimento da Rosa (1, 3)

- 1 - Programa de Pós-Graduação Educação em Ciências: Química da Vida e Saúde - UFSM.
- 2 - Departamento de Biologia - UFSM.
- 3 - Colégio Militar de Santa Maria - CMSM

Passo a Passo: Acessando o NCBI

The screenshot shows the NCBI homepage with several navigation arrows pointing to key features:

- Search:** An arrow points to the search bar at the top left.
- What do I do?:** An arrow points to the 'What do I do?' dropdown menu.
- OMIM:** An arrow points to the OMIM (Online Mendelian Inheritance in Man) link.
- Entrez:** An arrow points to the Entrez search engine options (Entrez Gene, Entrez Nucleotide, Entrez Protein, Entrez Structure, Entrez Taxonomy, Entrez Genome).
- PubMed:** An arrow points to the PubMed database link.
- BLAST:** An arrow points to the BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) link.
- Books:** An arrow points to the NCBI Bookshelf link.
- TaxBio:** An arrow points to the Taxonomy browser link.
- Structure:** An arrow points to the Structure database link.

Below the homepage, there is a 'Search Results' section with a 'Search to Match Query' button and a 'Revised list of folders' section. At the bottom, there is a detailed 'Entrez Gene' page for the gene 'Growth hormone' (GH), showing its structure, function, and associated databases.

This screenshot shows the Entrez Gene database search results for 'Growth hormone'. The results are displayed in a table with columns for 'Gene ID', 'Gene Symbol', 'Gene Name', 'Gene Type', 'Gene Status', and 'Gene Ontology'. The top result is 'GH' (Growth hormone), which is highlighted in yellow. Below the table, there is a 'Gene Summary' section for 'GH' (Growth hormone), showing its structure, function, and associated databases. The 'Gene Summary' section includes a 'Gene Structure' diagram, a 'Gene Ontology' section, and a 'Gene History' section.

ANEXO D – Teste I - As proteínas**Questões baseadas em:**

TEIXEIRA, Gerlinda. Construção de maquetes de proteínas. Mini-curso apresentado no **I ENEBIO - I Encontro nacional de Ensino de Biologia e III EREBIO RJ / ES III Encontro Regional de Ensino de Biologia**, UFRJ, Rio de Janeiro, 2005.

Nome = _____ nº _____ Turma = _____

1) De que são compostas as proteínas?

2) Qual a importância das proteínas?

3) Como é gerada a diversidade dos seres vivos?

4) Por que é possível determinar que uma mesma proteína pertence a espécies diferentes?

5) Explique e exemplifique o que são estruturas primárias, secundárias, terciárias e quaternárias das proteínas.

ANEXO E –Teste II - Reconhecendo genes, DNA e síntese de proteínas

Assunto: Gene, DNA e síntese de proteínas

Nome: _____ N: _____

Itens 1 e 2 Baseados em CABALERO ARMENTA, Manuela. Algumas ideias del alumnado de secundaria sobre conceptos básicos de Genética- **Enseñanza de las Ciencias**, v.26, n.2, p. 227-244, 2008.

1. Já ouviu falar dos seguintes termos:

Gene: sim () não ()

DNA: sim () não ()

Cromossomo: sim () não ()

2. Em que lugar você acredita que estejam guardados as informações do Projeto Genoma Humano?

Itens 3 e 4 baseado em CHEIDA, Luiz Eduardo. **Biologia Integrada**. Coleção Delta - Ensino Médio, FTD, São Paulo, 2005.

3. Qual das alternativas melhor define um gene?

a) o mesmo que um cromossomo.

b) qualquer segmento de molécula de DNA.

c) o conjunto de moléculas de DNA de uma espécie.

d) um conjunto de moléculas de DNA que são transcritas em RNA.

4. Qual é o polinucleotídeo que possui a informação para a proteína a ser produzida na tradução gênica? Justifique.

ANEXO F – Teste- III - Síntese de proteínas**Assunto: Síntese de proteínas**

Nome _____ Data _____

Questões retiradas do livro didático: CHEIDA, Luiz Eduardo **Biologia Integrada**.
Coleção Delta - Ensino Médio - FTD - São Paulo, 2005.

1. (Modificado - UNIFESP) O jornal “Folha de São Paulo” de 23/09/2002 noticiou que um cientista espanhol afirmou ter encontrado proteínas no ovo fóssil de um dinossauro que poderiam ajudá-lo a reconstituir o DNA desses animais.

a) Faça um esquema simples, formado por palavras e setas, demonstrando como, a partir de uma sequência de DNA, obtêm-se uma proteína.

2. (UNICAMP-SP) Abaixo estão esquematizadas as sequências de aminoácidos de um trecho de uma proteína homóloga, em quatro espécies próximas. Cada letra representa um aminoácido.

Espécie 1: M E N S L R C V W V P K L A F V L F G A S L L S A H L Q

Espécie 2: M E N S L R R V W V P A L A F V L F G A S L L S A H L Q

Espécie 3: M E N S L R C V W V P K L A F V L F G A S L L S Q L H A

Espécie 4: M E N S L R L A F V L F G A S L L S A H L Q

a) Quantos nucleotídeos são necessários para codificar a sequência de aminoácidos nas espécies 1 e 2? Justifique:

b) Pode-se dizer que as sequências idênticas de aminoácidos são sempre codificadas por sequências idênticas de nucleotídeos? Justifique:

ANEXO G – Teste IV - Identificação de um gene

Assunto: Identificação do Gene

Nome _____ Turma _____

a) Para você, qual o significado dessa ilustração?

Fonte: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>

ORIGIN

1 tgcctgtaat cccagcattt tggtaggcca aggcgggtgg atcacctgag gtcaggagt
 61 cgaggccagc ctgatgacca tggtgaaacc ccatctctac taaaaataca aaattaatcg
 121 ggcatgggtg cacatgcctg taatcccagc tactcgggag gctgaggcag gagaatcgct
 181 taaaccagg aagtggaggt ttcagtgagc tgagattgtg ccattgcact ccagcctggg
 241 taacaagagc aaaactccat caaaaaaat aatatatgta tatatatatt acaattttat
 301 atatatatac acattatgta attttttta ccattttata tatatacatt acgtaatggt
 361 aaaatgttt ctctgcccc ccagtagatt gttagctcca gaagagaaag gatcatgtct
 421 ttggtttatc tagatatgct catcggcctg gtacagtctc tggcccatgt tataggcaac
 481 aactacttgt agaatcgggtg aatgcatgaa tagaagaatg agtgaatgaa tgaatagacg
 541 aaaggcagaa atccagcctc agccgggagc tgggtggctc acacctgtaa tcccagcact
 601 ttgggaggcc gaggcgggtg gatcacaaga tcaagagatg gagaccaacc tggctaacac
 661 agtgaaaccc cgtctctact aaaaatacaa aacattagcc gggcatggcg gtaggctcct
 721 gtatgccag ctactagga gacctgagca ggagaatggc atgaaccag gggggcggag
 781 ctgacagtga gccaaatgct cgccactgca ctccagcctg ggcgacagag caagactcgg
 841 tctcaaaaa aaaaaaaaaa gaaatccagc ctcaaagagc ttacagtctg gtaagaggaa
 901 taaaatgtct gcaaatagcc acaggacagg tcaaaggaag gagaggctat ttccagctga
 961 gggcaccca tcaggaagc accccagact tctacaact actagacaca tctcgatgct
 1021 ttctactct ctatcaatgg atcgtctccc tggagaataa tccccaatgt gaaattact
 1081 agcacgtcaa gttaggtaga tcttgtgta cttctggtt gttcagagat catcaaccag
 1141 tgcaaacat cccccatca atacacagca gtgtctgccc ctctctccc caagccttc
 1201 gaggccctc ctccgtgct gaaccccctg gacatacat gtggcaaact gaagggtcca
 1261 acgagataca ggaagtgaac cacgatgtac actgaaacgt gcaatacaaa tatgcagcat
 1321 gaagtgcctc ggttactaa cccgagctat gctgggtgct tctttctac cactttcct
 1381 aatgcctatg gacacctat tctgtggctg aagttcctg tgtcaattc ccccatctt
 1441 cattgaacat cctctgtgca gggacttgac ccctgtcctg ctagctttg actgaggcaa
 1501 gttttgtcca tgcttagtag tgccaccatc ttactagat gaggtttcta aagagcttg
 1561 catggaagga aagcctgggg ggccttagaa gccatcactt aggaactggg agagctccag
 1621 gcaagccacc ttatctctt ggcctcagt atcctcactc acatcccacat ggtcagtaga
 1681 gtgccaagca catagtggac acgcagaagt attgatcatc ttctcacct cccctaggag

ANEXO H – Teste V - Encontrando o gene LIMD1**Assunto: Gene LIMD1**

Nome _____ n _____ Turma _____

Reportagem do jornal A Razão/Santa Maria, RS, de sábado-domingo de 6 e 7 de dezembro de 2008.

Descoberto novo gene contra câncer de pulmão

Cientistas da **Universidade de Nottingham, na Inglaterra**, encontraram um gene que protege contra o câncer de pulmão, um dos mais frequentes e mortais devido ao seu diagnóstico tardio. O descobrimento, divulgado na última edição do **Proceedings of the National Academy of Sciences**, pode ajudar os pesquisadores a desenvolver tratamentos e técnicas de detecção precoce da doença. **O gene, pertencente ao cromossomo 3, protege o corpo humano do câncer de pulmão e se desativa quando o tumor se desenvolve.** A equipe de cientista, liderada por Tyson Sharp, chegou a esta conclusão após comparar tecidos pulmonares saudáveis com células cancerígenas. Na análise, eles identificaram que o **gene LIMD1** faltava na maioria das amostras da doença. Para constatar que a perda ou desativação do gene está relacionada ao desenvolvimento do tumor pulmonar, uma equipe de pesquisadores americanos, liderada por Greg Longmore, modificou o genoma de ratos de laboratório para que não tivessem esse gene. Em consequência, os animais desenvolveram o tumor. Segundo a fundação Britânica Pulmonar, que financiou a pesquisa, nove de cada dez casos da doença ocorrem por causa do tabaco. Como é o tumor que não alcança etapas avançadas, cerca de 80% dos pacientes morrem ao longo dos 12 meses que sucedem o diagnóstico da enfermidade. Os pesquisadores acreditam que a descoberta contribua no desenvolvimento de novos tratamentos contra o câncer e técnicas efetivas de detecção do tumor.

1 - O que seria gene LIMD1 e onde nós poderíamos encontrá-lo?

ANEXO I – Teste VI - Reconhecendo o gene BRCA1 e PGH**Assunto: Gene BRCA1 e Projeto Genoma Humano (PGH)**

Nome: _____ nº _____ Turma: _____

Diário de Santa Maria, RS, p. 2 de 10 e 11 de fevereiro de 2009.

Menina selecionada não tem “gene cancerígeno”

Médicos do **University College de Londres** anunciaram o nascimento de uma menina selecionada geneticamente para não carregar uma versão alterada do gene **BRCA1**, a qual pode acarretar risco de até 80% de desenvolver câncer de mama ou de ovário. O diagnóstico ocorreu após a fertilização *in vitro*: embriões gerados dentro de laboratórios pelos pais da menina foram selecionados, sendo escolhido para pôr no útero só o que não carregava a versão “maligna” do gene. Mas isso não garante que a pessoa não terá câncer. Isso foi feito porque mulheres das últimas três gerações da família tiveram câncer de mama.

a) Como é feita esta seleção de genes pelos geneticistas? _____

b) Como e onde se localiza o gene BRCA1? _____

c) Onde obteve informações sobre o Projeto Genoma Humano (PGH)?

 aula de Biologia televisão revistas jornais só ouviu falar outros _____

APÊNDICES

APÊNDICE A – Correspondência enviada ao Colégio Militar de Santa Maria**UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA MARIA
CENTRO DE CIÊNCIAS NATURAIS E EXATAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM EDUCAÇÃO EM CIÊNCIAS: QUÍMICA
DÁ VIDA E SAÚDE**

Santa Maria, 01 de junho de 2009.

Ao Sr. Comandante do Colégio Militar de Santa Maria
Santa Maria - RS

Vimos através deste solicitar a colaboração do comando, no sentido de permitir a execução do projeto de pesquisa intitulado DOS GENES ÀS PROTEÍNAS: EXPLORANDO O GenBank COM ALUNOS DO ENSINO MÉDIO, que será desenvolvido sob minha orientação pela doutoranda **Rosane Teresinha Nascimento da Rosa** (matrícula UFSM 2617045), do Programa de Pós-Graduação em Educação em Ciências: Química da Vida e Saúde

Atenciosamente,

Élgion Lúcio da Silva Loreto
Departamento de Biologia – CCNE
Telefone: 3220-912
E-mail: elgionl@gmail.com

APÊNDICE B – Relato das entrevistas no coletivo dos alunos após o desenvolvimento da Unidade Didática

Transcrição das respostas dos alunos no encerramento da aplicação da Unidade Didática

Aluno 01

“Relembrei conceitos do ano passado, aprendemos um pouco mais sobre gene, genoma humano coisa e tal, a maior dificuldade foi o inglês mesmo, pois eu sou péssima e o site em inglês ficou meio complicado, mais foi isso. E, como vimos na universidade o NCBI é uma fonte segura de pesquisa, pois os cientistas colocam as seqüências que eles descobrem aí.”

Aluno 02

“Achei interessante acessar o site do NCBI e ver os códigos. Com essa atividade a gente conseguiu ligar mais as coisas e compreender e se não sabe inglês é só usar o tradutor.”

Aluno 03

“Eu acho que todo esse trabalho foi muito bom, valeu muito a pena. Eu acho que não é só aquilo do ensino médio sabe, a gente aprende muito mais, ficou mais concreto, deu para visualizar bem. Eu achava totalmente diferente, não tinha ideia, agora vejo o tamanho do gene. Na realidade eu não sabia direito o que era.”

Aluno 04

“Acho que esse tipo de atividade devia ser feita em outras disciplinas, porque possibilita para gente uma visão mais ampla, infelizmente no Ensino Médio a gente vê os conceitos muito soltos, tudo muito perdido. E aqui a gente deu uma juntada, uma visão mais ampla desse conteúdo. Agora no cursinho estamos dando Genética e deu para perceber que é muito superficial, é só uma vaga noção da ação dos genes do nosso fenótipo e não nas doenças, em coisas mais aplicáveis mais importantes eu até diria. Eu acho que não existe barreira, hoje em dia o que há é falta de interesse das pessoas, porque o conhecimento está disponível, é só ir

pesquisar. O inglês pode ser dificuldade, mas não é barreira, e só ir e pesquisar no Google, é fato que a coerência dele é muito ruim, mas tem os dicionários online. O que impede um aluno do nosso padrão digamos é a falta de interesse.”

Aluno 05

“É como todo mundo já falou. A gente não sabia quase nada dessas coisas. Sabíamos o básico do básico com as aulas dos professores do 1º ano do ano passado. Como o professor Elgion falou: “O importante é saber que o NCBI existe, não precisamos aprofundar o conhecimento sobre ele “. Não sei como falar... a gente sabia sobre o gene e no NCBI, OMIM a gente pode ver quem não inventou, mas criou e deu nome para ele, o histórico do gene, doenças que ele pode causar.”

Aluno 06

“Minha dificuldade foi o inglês. Mas houve bastante interesse pela área de Biologia sabe, em conhecer um pouco mais dessa área, foram assuntos bem interessantes, mas eu pelo menos achei difícil de entender, querendo ou não parece distante. Como a senhora disse, quando o professor explica no quadro, na sala de aula os alunos não tem a visão, a ideia da dimensão e da complexidade do assunto.”

APÊNDICE C – Transcrição das respostas individuais dos alunos que participaram da Unidade Didática

ALUNO 1

Questão 01 - Qual o nível de informação que você tinha sobre bioinformática e com os termos desta área?

“Nenhum. Eu nunca tinha ouvido falar deste site, NCBI, genbank que a gente entrou e os termos foi tudo novidade.”

Questão 02 - Quais as dificuldades que você sentiu ao acessar o site do NCBI?

“A maior dificuldade foi o site ser em inglês, mas isso tem como resolver com os tradutores online e coisa e tal. Como eu já conhecia os termos da genética a gente acaba não tendo problemas. Ai eu olhei assim e disse meu Deus o que eu faço agora? Ia ficar bem perdida se a senhora não tivesse orientado eu não saberia o que o site queria passar. Acho que foi bom porque reunia todas as informações numa página só, mostrava a seqüência de bases nitrogenadas, todo o gene, assim todas as informações que a gente aprendeu numa página só.”

Questão 03 - Você percebeu a integração dos conceitos de DNA, Gene e Proteína através do NCBI?

“Eu consegui entender tudo tranquilo porque íamos abrindo parte por parte e vendo nucleotídeos de acordo com as orientações dadas..”

Questão 04 - Qual a sua opinião sobre o trabalho realizado neste semestre?

“Eu achei o trabalho muito bom e produtivo. Assim, eu particularmente, gosto bastante de Biologia e deu para rever os conceitos que a gente aprendeu no ano passado e aprender novos conceitos. Não tive dificuldade de acessar o site. Ele traz informações sobre hormônios, algumas anomalias, má- formação e qualquer pessoa pode acessar o site. Seria interessante que outros alunos tivessem contato com o GenBank.”

ALUNO 2

Questão 01 - Qual o nível de informação que você tinha sobre bioinformática e com os termos desta área?

“Antes eu não sabia nada e nem sabia que existia um site assim.”

Questão 02 - Quais as dificuldades que você sentiu ao acessar o *site* do NCBI?

“Na primeira vez que acessei senti dificuldades no inglês, mas nem tanto, pois têm vários tradutores online no mais os links que a gente não conhecia, mas com as aulas ficou mais fácil. Eu acho que dá para acessar até sozinho e a gente hoje em dia vai clicando, clicando, mexendo, mexendo e testando tudo, sem medo mas com o auxílio do roteiro ficou melhor ainda.”

Questão 03 - Você percebeu a integração dos conceitos de DNA, Gene e Proteína através do NCBI?

“Acho que sim porque foi possível descobrimos esses conhecimentos juntos com bastante recursos de desenhos e atividades, e por fim esse conhecimento reunido num único site.”

Questão 04 - Qual a sua opinião sobre o trabalho realizado neste semestre?

“Achei muito produtivo, positivo, assim... bem legal a gente não ficou só na teoria, a gente praticou, usou cartolinas miçanguinhas, foi mais visual, até no site também saiu do quadro. E é uma atividade para quem gosta de Biologia, eu acho que só para alunos voluntários.”

ALUNO 3

Questão 01 - Qual o nível de informação que você tinha sobre bioinformática e com os termos desta área?

“No principio não tinha conhecimento, antes de fazer o projeto eu não conhecia a bioinformática, não... bem.... eu sabia, mas nunca tinha acessado.”

Questão 02 - Quais as dificuldades que você sentiu ao acessar o *site* do NCBI?

“Eu não tive muita dificuldade só o inglês, mas tem os tradutores online é só acessar é bem rapidinho. Proteínas, genes essas coisas acho que foi bom a gente já tinha visto no colégio, na 1ª série, então não tivemos dificuldades.”

Questão 03 - Você percebeu a integração dos conceitos de DNA, Gene e Proteína através do NCBI?

“Eu acho que foi produtivo sim porque quando colocamos o growth hormone aparecia tudo DNA, proteína, gene como era grande tudo aquilo que se via. No colégio é tudo solto e lá no site a gente via que havia uma integração. Falava tudo

sobre o gene. *Eu não tinha noção, eu não sabia que existia gene com mais de 2000 letrinhas, e não sabia sobre íntrons e éxons.*”

Questão 04 - Qual a sua opinião sobre o trabalho realizado neste semestre?

“Eu acho que foi muito bom e abriu novos horizontes no ensino médio para nós. Eu já gostava de Biologia e agora gosto mais ainda de Biologia porque a área de ensino não era bem o que eu queria, mas sim pesquisar e dá para ver se tu quer seguir nessa área.”

ALUNO 4

Questão 01 - Qual o nível de informação que você tinha sobre bioinformática e com os termos desta área?

“Eu nunca tive acesso à bioinformática e nunca tive contato com essa realidade e achei até difícil no início me familiarizar com os termos novos, até foi uma das maiores dificuldades, mas depois estudando, tentando entender e conectar uma coisa na outra a gente vai aprendendo aos poucos e eu consegui bem me familiarizar com toda essa realidade, digamos, assim nova.”

Questão 2 - Quais as dificuldades que você sentiu ao acessar o site do NCBI?

“Na primeira vez que eu acessei achei fiquei meio perdida, pois são muitas informações num site e a gente quer fazer tudo né, mas não tem como, porque ele é muito grande, ele é muito extenso e exige um conhecimento muito grande para saber trabalhar ali. Então, por isso como a senhora nos deu aquele direcionamento das ferramentas que a gente tinha que usar e tal eu consegui bem, achei fácil, depois que a gente tem a noção do todo, mas não dá para abraçar tudo, mas se têm uma noção do todo..

Minha dificuldade maior não foi o inglês, a gente sempre arruma um jeito e no Colégio Militar temos uma boa estrutura de inglês, esse tipo de coisa. Acho que não há nenhuma dificuldade, agora, as ferramentas em si, para entender o que cada uma quer dizer e ainda o que cada uma vai te proporcionar e é um pouco mais complicado, exige um conhecimento, acho que não um conhecimento grande, mas uma boa conexão entre os conceitos que a gente vê meio soltos no Ensino Médio.

Acho possível que outros colegas acessem também, acho melhor para o entendimento do aluno sobre esse conteúdo que vem crescendo bastante, vem aumentando muito, e as pesquisas também, então é interessante que os alunos

saibam que rumos estão tomando as pesquisas, conhecer até para depois escolher alguma profissão (...).”

Questão 03 - Você percebeu a integração dos conceitos de DNA, Gene e Proteína através do NCBI?

“É mais fácil mesmo a gente identificar porque a gente tem uma noção geral, daí não é mais aquele pedaço de DNA, a gente não sabe de onde ele é, a proteína solta só o conceito, não sabendo que ela está ligada ao DNA, diretamente ao gene, isto é, o próprio gene que era objeto do nosso estudo.”

Questão 04 - Qual a sua opinião sobre o trabalho realizado neste semestre?

“A partir da execução desse trabalho acabei por concluir que essa área da bioinformática como ela está crescendo, dá para estudar, entender coisas e acompanhar de certa forma, é muito interessante. Eu relacionei, é bem dentro do que eu quero, é a área da pesquisa. É um estímulo para nós do ensino médio saber entender este site, que é exatamente o que eu queria, me senti estimulada. Acesso ao site, todos têm, a questão é entender o que é usado por médicos e pessoas mais graduadas que nós, e a gente já sabe. É muito estimulante mesmos para nós. É um estímulo.”

ALUNO 5

Questão 01 - Qual o nível de informação que você tinha sobre bioinformática e com os termos desta área?

“Nenhuma familiaridade praticamente com a bioinformática, o pouco que eu sabia de Genética era o do 1º ano do ano passado, essa parte da bioinformática fiquei conhecendo no projeto, mexendo no NCBI.”

Questão 02 - Quais as dificuldades que você sentiu ao acessar o site do NCBI?

“No início a maior dificuldade foi primeiro a gente se acostumar com a nomenclatura, não sabíamos direito e até mesmo o professor Élgion falou: Tem coisa ali que não temos que saber tudo é muito avançado para alunos do Ensino médio.”

Questão 03 - Você percebeu a integração dos conceitos de DNA, Gene e Proteína através do NCBI?

“O gene é a proteína e o DNA são aquelas coisas. DNA faz nucleotídeos, formam aminoácidos e os nucleotídeos que formam cada três nucleotídeos para formar uma proteína.”

Questão 04 - Qual a sua opinião sobre o trabalho realizado neste semestre?

“No início foi confuso, depois a gente começou a descobrir mais coisa e os sites que a senhora passou sobre o que era gene, ajudou mais por causa das ilustrações e explicações..”

ALUNO 6

Questão 01 - Qual o nível de informação que você tinha sobre bioinformática e com os termos desta área?

“Vou ser bem sincera: Nenhum. Senti bastante dificuldade, foi muita informação para o aluno. Não sou muito boa em Biologia e muitos termos eu não entendi.”

Questão 02 - Quais as dificuldades que você sentiu ao acessar o *site* do NCBI?

“Falta de familiaridade quando a gente entra é aquela explosão de coisas assim é difícil a gente se localizar. Quanto ao inglês tem vários recursos na internet, mais é pela questão dos termos, é muito termo técnico. Eu achei um pouco complicado, quando chegamos ao resultado, todas aquelas letrinhas e depois a sua explicação e a senhora deu umas tabelas o que ajudou um pouco.”

Questão 03 - Você percebeu a integração dos conceitos de DNA, Gene e Proteína através do NCBI?

“Acho que sim quanto mais recursos, mais fácil fica, mais coisas e tal. Acho necessário um treino antes senão fico muito difícil. O conteúdo estava um pouco bloqueado na minha mente e eu tenho um pouco de dificuldade, eu pessoalmente não tenho facilidade em Biologia.”

Questão 04 - Qual a sua opinião sobre o trabalho realizado neste semestre?

“Foi muito positivo e produtivo, mas há muitas coisas, muito nome, nomenclatura e símbolos.”

APÊNDICE D – Artigo 01-“Utilizando o GenBank como integrador de conceitos de biologia molecular”

(Publicado na Revista Genética na Escola, 2010, v. 2, p. 17-19)

UTILIZANDO O GenBank COMO INTEGRADOR DE CONCEITOS DE BIOLOGIA MOLECULAR

Rosane Teresinha Nascimento da Rosa¹; Élçion Lúcio da Silva Loreto²

¹Colégio Militar de Santa Maria/RS e PPG Ensino de Ciências - Química da Vida e Saúde – (UFRGS/UFSM/FURG)

²Departamento de Biologia,CCNE, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, RS e PPG Ensino de Ciências - Química da Vida e Saúde – (UFRGS/UFSM/FURG)

Correspondências para: elçionl@gmail.com e rosanetnr@hotmail.com

Palavras-chave: Ensino médio, bioinformática, biologia molecular.

Resumo

Este artigo é um relato sobre a experiência de um grupo de seis alunos do 2º ano do ensino médio do Colégio Militar de Santa Maria - CMSM /RS, durante o 2º semestre de 2009, concretizada através da aplicação de uma Unidade Didática (UD) que envolveu 20 horas/aula onde constava, entre outras atividades, o acesso ao NCBI, utilizando os links OMIM, Entrez Gene, Protein, RefSeq. A finalidade dessa atividade era identificar se os alunos compreendiam melhor a relação DNA – RNA – Proteínas, utilizando as ferramentas do NCBI já citadas anteriormente. Uma das ações mais significativas dessa UD foi a montagem de um folheto sobre como acessar o NCBI por um dos alunos do grupo.

Introdução

A partir da descoberta de que o DNA é a molécula que armazena informação genética, assim como sua estrutura química, revelada em 1953, no clássico trabalho de Watson e Crick, foi possível entender o fluxo de informação biológica dos ácidos nucléicos para as proteínas. Tais polímeros passam a constituir os principais objetos de estudo de uma nova ciência, a Biologia Molecular. "Considerando apenas o GenBank, há no momento depositadas mais de 100 milhões de sequências, totalizando aproximadamente 100 bilhões de nucleotídeos". (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank>)

O NCBI ou Centro Nacional para Informação Biotecnológica dos EUA é considerado o banco central de dados sobre informações genômicas. Outros bancos de dados similares estão distribuídos por países da Europa e Japão, mas todos trocam dados em um intervalo de 24 horas com o NCBI.

O GenBank é o principal banco de dados do NCBI e armazena todas as sequências disponíveis de DNA (de sequências pequenas a genomas inteiros), RNA e proteínas. Ele foi concebido para preparar e incentivar o acesso da comunidade científica às informações atualizadas de sequências completas de DNA.

Reportando-nos à questão educacional de que esses novos conhecimentos genômicos e suas formas de acessibilidade devem chegar à escola média, nos apoiamos nos PCNEM, Parâmetros Curriculares Nacionais do Ensino Médio,

(BRASIL, 2002) que sugerem mudanças sintonizadas com a Lei de Diretrizes e Bases (BRASIL,1996), enfocando novas visões mais atualizadas da Biologia, especificadamente no tocante à Genética. Segundo estes documentos, dois dos seis novos temas que estruturam a disciplina de Biologia, relacionam-se aos estudos e à aplicabilidade de novas tecnologias associadas ao DNA. Esses conhecimentos são fundamentais para que os alunos possam se situar e se posicionar no debate contemporâneo com relação às tecnologias de manipulações da vida.

Pesquisas, na área de Educação em Ciências, têm sinalizado que a compreensão dos alunos em relação ao dogma central da Biologia, DNA ↔ RNA → PROTEÍNA, apresenta problemas conceituais graves como os apontados por LEWIS & WOOD-ROBINSON 2000.

Paiva e Martins (2005) comentam que, se os conceitos de DNA – gene – cromossomo não forem explicados de uma forma organizada, os estudantes talvez não sejam capazes de estabelecer uma relação entre eles. Geralmente, em sala de aula, esses assuntos são apresentados de forma desconectada e, na maioria das vezes, devido à grande quantidade de conteúdos e à falta de tempo, não há oportunidade para o professor levar os alunos a estabelecerem uma relação lógica entre os conceitos.

Também, Teixeira e Carvalho (2006) indicam dificuldades no ensino de Genética para os estudantes do ensino médio, principalmente para estes reconhecerem a relação célula- cromossomo- DNA - gene.

Apresentamos, então, este relato de experiência no intuito de contribuir para uma estratégia de apropriação dos assuntos DNA - RNA e Proteínas por parte dos alunos do ensino médio, utilizando o NCBI através de quatro dos seus *links*.

Metodologia

O trabalho envolveu um grupo de seis (6) alunos voluntários do 2º ano do ensino médio do Colégio Militar de Santa Maria-RS que se reuniram durante o 2º semestre de 2009, no contraturno de suas atividades escolares, num espaço não formal, denominado Clube de Ciências, sendo utilizadas duas horas semanais para esta atividade, perfazendo um total de 20 horas/aula.

Foi utilizando, como assunto integrador, o hormônio do crescimento que envolveu aulas com tópicos sobre os assuntos relativos a proteínas, síntese de proteínas, código genético, bioinformática, GenBank, NCBI com as ferramentas OMIM (Herança Mendeliana Humana Online) e Entrez Gene.

Uma das atividades desenvolvidas dentro dessa Unidade Didática (UD) e que também qualificaram o nosso trabalho junto a esse grupo de alunos, foi a confecção de um folheto explicativo de como acessar o NCBI e que se traduziu no foco principal desse artigo (Figura 1). O folheto foi adaptado em uma apresentação de slides que está disponível pelo link [www.slideshare.net/rosanetrn/ Utilizando](http://www.slideshare.net/rosanetrn/Utilizando) o GenBank como integrador de conceitos e Biologia Molecular.

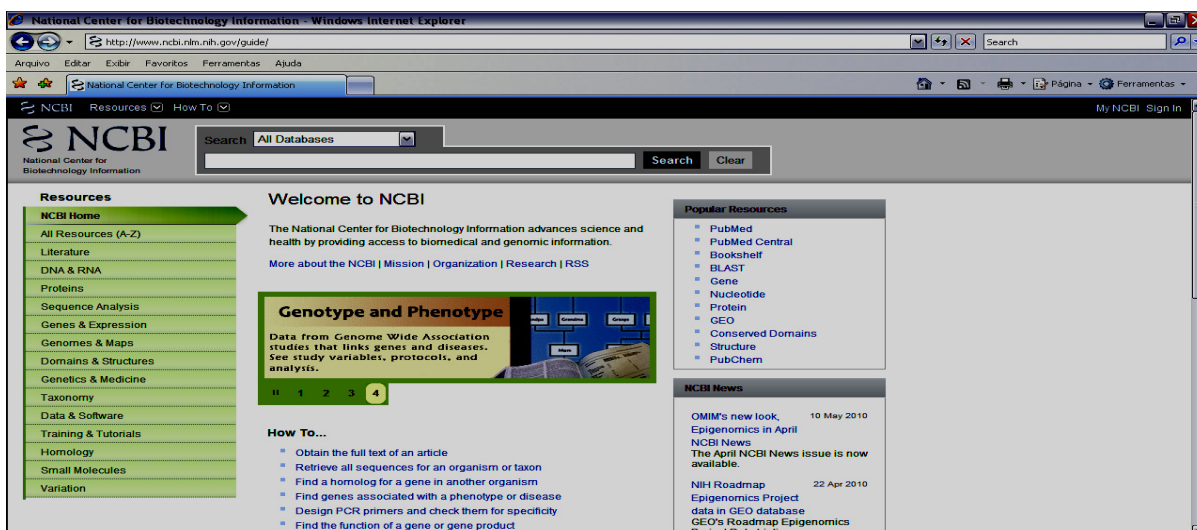


Figura 1 – Acima temos uma das páginas do NCBI que foram utilizadas no trabalho de montagem realizado pelo aluno 4 e que resultou em um “Folder” explicativo de como se acessa o GenBank.

Avaliação dos alunos que acessaram o NCBI

Quando finalizamos a aplicação da Unidade Didática, entrevistamos individualmente os seis alunos participantes da pesquisa, filmamos e gravamos os seus testemunhos sobre a experiência vivenciada. Estas entrevistas constaram de quatro (4) questões abertas, a saber: 1ª) Qual o conhecimento anterior que tens sobre bioinformática? 2ª) Quais as dificuldades que sentistes ao acessar o *site* do NCBI? 3ª) Os conceitos de DNA - genes e proteínas foram melhor compreendidos e inter-relacionados através do NCBI? 4ª) Qual a tua opinião sobre a Unidade Didática aplicada?

Em relação à primeira questão, nenhum dos alunos envolvidos tinha tido contato com a bioinformática. Na segunda questão, o que caracterizou a unanimidade de opinião dos alunos foi: apesar de, no primeiro momento, a língua inglesa atuar como uma barreira foi resolvida pela facilidade dos tradutores disponíveis no computador.

Acrescentamos que hoje se constitui num desafio para nós, professores, aproveitarmos a possibilidade de interagir mais com esses “nativos digitais” (gerações nascidas nas últimas décadas que cresceram com a internet, segundo Ribeiro, 2009) das tecnologias das comunicações, referendados pela fala do aluno 2: “*eu acho que dá para acessar o NCBI até sozinho. A gente, hoje em dia, vai clicando, clicando, mexendo e tentando tudo sem medo (...)*”

Quanto às respostas do terceiro questionamento, dos seis (6) alunos envolvidos nesta pesquisa, quatro (4) responderam que o acesso ao *site* permitiu-lhes um novo nível de entendimento. O aluno 3 complementou que essa integração conceitual foi muito positiva e salientou a sua admiração em relação ao que ele desconhecia sobre os genes. Também registramos o depoimento do aluno 4 na entrevista: “*É mais fácil mesmo a gente identificar, porque se tem uma noção geral. Daí, não é mais aquele pedaço de DNA que a gente não sabe de onde ele é. A*

proteína sem conexão, só o conceito, não sabendo que ela está ligada ao DNA e diretamente ao gene”.

Em relação ao quarto questionamento, os alunos apontaram como interessante, informativo e que possibilitou o conhecimento de novas formas de pesquisa. O aluno 4 comentou que foi muito estimulante para alunos de ensino médio terem acesso a esse *site* usado por cientistas. Inclusive, este aluno termina a sua entrevista com o seguinte relato: *“Foi a possibilidade de romper com o ensino tradicional de quadro e giz. Eu, particularmente, gosto bastante de Biologia e deu para rever os conceitos que a gente aprendeu no ano passado, na 1ª série, e os novos conceitos que foram agregados. Não tive dificuldade de acessar o site. Ele traz informações sobre hormônios, algumas anomalias, e qualquer pessoa pode acessá-lo. Seria interessante que outros alunos tivessem contato com o GenBank da mesma forma que o nosso grupo”.*

Conclusões

Na avaliação desta proposta didática de acesso ao NCBI apontamos que a dificuldade que poderá surgir para outros alunos de ensino médio é relativa ao domínio da língua inglesa. Outro entrave que identificamos é relativo a desatualização da maioria das escolas brasileiras. As escolas não estão equipadas com computadores que possibilitem acesso à internet. Embora, na nossa análise, para este pequeno grupo de alunos que vivenciaram esta experiência a mesma se revestiu de muito significado.

Referências

BRASIL; **Lei de Diretrizes e Bases da Educação Nacional**, Lei nº 9394, 20 de dezembro de 1996.

BRASIL. MEC. SEMTEC. **PCN+**: Ciências da natureza, matemática e suas tecnologias. Secretaria de Educação Média e Tecnológica. Brasília: MEC/SEMTEC, 2002.

LEWIS, J.; WOOD-ROBINSON, C. Genes, chromosomes, cell division and inheritance – do students see any relationship? **Internacional Journal of Science Education**, v.22, n.2, p.177-195, 2000.

National Center for Biotechnology Information – NCBI. Disponível em: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>. Acesso em: 20 fev. 2009.

PAIVA, A L. B.; MARTINS, C.M.C. Concepções prévias de alunos de terceiro ano do ensino médio a respeito de temas da área de genética. **Ensaio-Pesquisa em Educação em Ciências**, v.7, número especial, 2005.

RIBEIRO, A.M. Nativos x imigrantes digitais. Disponível em: http://nteitaperuna.blogspot.com/2009/02/nativos-versus-imigrantes-digitais_26.html. Publicado em 26 fev. 2009.

TEIXEIRA, G.A.P.B; CARVALHO, L. G. **Biologia molecular na sala de aula**: um diagnóstico. Comunicação apresentada no X Encontro Perspectivas do Ensino de Biologia & I Encontro Regional de Ensino de Biologia/MT/MS/SP. São Paulo: FEUSP, 2006.

APÊNDICE E – Artigo 02 - “Análise, através de mapas conceituais, da compreensão de alunos do ensino médio sobre a relação DNA-RNA-proteínas após o acesso ao GenBank”

**(Submetido em 08/01/2011 para análise pela REEC - Revista Eletrônica
Enseñanza de las Ciências)**

Análise, através de mapas conceituais, da compreensão de alunos do ensino médio sobre a relação DNA-RNA-proteínas após o acesso ao GenBank

Rosane Teresinha Nascimento da Rosa¹ e Élgon Lúcio Silva Loreto²

¹Colégio Militar de Santa Maria/RS, Brasil e PPG Educação em Ciências – Química da Vida e Saúde – UFSM. [E-mail: rosanetr@hotmail.com](mailto:rosanetr@hotmail.com). ²Departamento de Biologia e PPG Educação em Ciências – Química da Vida e Saúde – Universidade Federal de Santa Maria (UFSM). Santa Maria, RS, Brasil. E-mail: elgionloreto@pq.cnpq.br.

Resumo: Este artigo trata da análise de mapas conceituais, elaborados por alunos do ensino médio, durante a aplicação de uma Unidade Didática (UD) sobre o tema síntese de proteínas. Uma das atividades da UD envolvia o acesso orientado ao GenBank, banco de dados sobre genes e sequências de DNA, no *site* do National Center Biotechnology Information (NCBI). O objetivo consistia em verificar a compreensão dos alunos sobre a relação DNA-RNA-proteínas mediante a elaboração de mapas conceituais. Esses mapas foram construídos antes e após a aplicação da UD por 06 alunos voluntários do 2º ano do Colégio Militar de Santa Maria (CMSM)/RS/Brasil. Esta UD foi desenvolvida no contraturno das atividades escolares. Para análise dos mapas, utilizou-se uma tabela de pontuação proposta por Novak e Gowin (1996). O mapa de referência tinha 52 pontos; 02 alunos obtiveram 41 pontos e um aluno 26 pontos, na análise quantitativa e na qualitativa foi possível identificar um avanço significativo nas relações conceituais desses alunos sobre síntese de proteínas. Os dados sugerem que o acesso ao GenBank, utilizado como estratégia didática dentro da UD, possibilitou este avanço.

Palavras-chave: ensino médio, ensino de biologia molecular, bioinformática, GenBank, mapa conceitual.

Title: Analysis of high school students' conceptual maps to investigate their understanding of DNA-RNA protein relation after accessing the GenBank.

Abstract: This article presents an analysis of conceptual maps elaborated by high school students during the application of a didactic unit (DU) on synthesis of protein. One of the activities in this DU involved the supervised access to the GenBank, a database for genes and DNA sequences available, at the National Center Biotechnology Information (NCBI), website. The purpose of this study was to check the students' understanding of DNA-RNA-protein relation through the elaboration of conceptual maps. These maps were developed at the end of the DU by six volunteer students from grade 10 at the Militar School (CMSM), in Santa Maria, RS, Brazil. This DU was developed, outside of regular, school activities time. For the analysis of the conceptual maps, a score table proposed by Novak and Gowin (1996) was used. The model conceptual map had 52 points; in our study, two of the students got 41 points and one student 26 points. In the quantitative and in the qualitative analyses it was possible to identify a significant improvement in these students' conceptual relations about protein synthesis. The data suggest that the access to the GenBank, used as a didactic strategy in the DU, has made this improvement possible.

Keywords: high school, teaching of molecular biology, bio-computing, GenBank, conceptual maps.

Introdução

Este artigo relata um estudo realizado com alunos do ensino médio na utilização de acessos orientados a alguns links do GenBank (National Center Biotechnology Information)–NCBI: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>). O objetivo desse acesso era a utilização dos links deste *site* como estratégia didática para promover o avanço no conhecimento destes alunos sobre a síntese de proteínas após o uso dessa ferramenta. No estudo, foram comparados os mapas sobre a relação DNA-RNA-proteínas, elaboradas pelos alunos, antes e depois do acesso orientado, através do processo de análise proposto por Novak e Gowin (1996). Este trabalho aborda os referenciais teóricos que embasaram a pesquisa, descreve os procedimentos realizados e analisa o conhecimento alcançado depois do acesso orientado.

O estabelecimento de bancos de dados públicos para as sequências de nucleotídeos funciona como uma biblioteca, possibilitando que os cientistas possam ter acesso às mesmas, provenientes de outros laboratórios e, também, trocar e compartilhar sequências de DNA. Todos os dias novas sequências são depositadas no banco de dados públicos do NCBI (National Center Biotechnology Information), o chamado GenBank. Estes dados são cada vez mais utilizados por pesquisadores para o desenvolvimento de seus trabalhos, fomentando a pesquisa sobre genes. Ferramentas de informática foram criadas para processar e interpretar tais informações. Chama-se estas ferramentas de “bioinformática”, pois se trata da utilização da informática para tratar temas biológicos. O grande avanço verificado no campo científico, utilizando a bioinformática, não tem chegado ainda na escola. Encontrou-se poucos exemplos de utilização da bioinformática no ensino médio, como o trabalho de Guimarães (2004), que relata a utilização do Biology Workbench, que é uma ferramenta de informática que permite a inspeção de sequências de aminoácidos em proteínas específicas.

Uma análise nos dois últimos EPEB (Encontro Perspectivas do Ensino de Biologia - 2004 e 2006), realizados na Faculdade de Educação (FE) da USP (Universidade de São Paulo)/SP/Brasil, mostra que, de num universo de 583 trabalhos, apenas 46 eram alusivos à Genética e, dentre eles, 10 sobre síntese de proteínas. Evidencia-se, com este registro, uma carência de trabalhos focando a síntese de proteínas neste evento, que é representativo da pesquisa sobre ensino de Biologia no Brasil. Compreender a síntese proteica é fundamental para avançar em temas correlatos, como a hereditariedade.

Levando em conta esse panorama das pesquisas, o presente trabalho objetiva verificar se o acesso ao GenBank permite melhorar a compreensão dos alunos sobre a relação DNA-RNA-proteínas.

Para que esse objetivo se efetivasse, foi organizada uma Unidade Didática (UD), num total de 20 horas/aula, sobre o tema síntese de proteínas. Uma UD é uma sequência de aulas sobre um determinado tema (Campos e Nigro, 1999, p.99). No âmbito desta UD, havia um número de aulas destinado ao acesso orientado ao GenBank. A descrição da forma desse acesso é apresentada em www.slideshare.net/rosanetrn in Rosa e Loreto (2010). A UD foi ordenada segundo os três momentos pedagógicos (3MP) propostos por Delizoicov e Angotti (1994), que serão descritos na sequência deste trabalho, no delineamento metodológico da pesquisa.

O instrumento para verificar a compreensão dos alunos sobre síntese de proteínas foi a construção de mapas conceituais realizada antes e após o acesso ao GenBank.

O uso dos mapas conceituais está baseado na técnica desenvolvida por Novak e colaboradores (Novak e Gowin, 1988) tendo como base os estudos de David Ausubel (1980). Eles podem ser usados para estudar mudanças na compreensão dos alunos, a respeito de conceitos de ciências. Segundo Ausubel (1978, *apud* Galagovsky, 1993, p. 301):

“Cada ciência está formada por conceitos, desde os mais ‘abarcativos’ (conceitos supraordenados), até os mais específicos (conceitos pouco inclusivos), passando por uma ou mais hierarquias intermediárias (conceitos subordinados)”.

Para Novak e Gowin (1988, p. 54), mapa conceitual “[...] é um diagrama hierárquico que procura refletir a organização conceitual de uma disciplina ou parte dela.” Os mapas conceituais são “diagramas que indicam relações entre os conceitos, mais especificamente, eles podem ser vistos como diagramas hierárquicos, que procuram refletir a organização conceitual de uma disciplina ou parte dela” (Moreira, 1986, p. 20). Mais recentemente, Moreira (2006, p. 6) definiu os mapas conceituais de uma maneira ampla como “... diagramas que indicam relações entre os conceitos e que sua estrutura deriva da organização conceitual de um conhecimento”.

Os mapas conceituais são uma demonstração prática da implementação dos princípios de uma teoria cognitiva, denominada teoria da Aprendizagem Significativa, proposta por Ausubel (1980). Apesar deste autor nunca ter mencionado mapas conceituais em sua teoria, Novak (1990) utilizou os pressupostos teóricos de Ausubel para a estruturação dessa ferramenta. A teoria da aprendizagem significativa surge como crítica à aplicação mecânica dos resultados em sala de aula. Segundo Moreira (1999, p. 151) atualmente seria mais adequado falar da teoria de Ausubel e Novak. Duas ideias marcam os seus trabalhos: a) caráter cognitivo, através do qual é dada a importância para a integração dos novos conteúdos nas estruturas cognitivas prévias dos sujeitos, ou seja, valoriza-se o que o aluno já sabe; b) caráter aplicado centrado nos problemas e nos tipos de aprendizagem propostos em uma situação socialmente determinada, como é o espaço da sala de aula. Desta forma, o conteúdo deve estar relacionado com o conhecimento prévio dos alunos e estes devem adotar uma atitude favorável, dotando de significado próprio os conteúdos que assimilam. Cabe ao professor organizar e sequenciar os conteúdos de forma que o aluno possa realizar uma aprendizagem significativa, encaixando novos conhecimentos em sua estrutura cognitiva prévia e evitando, portanto, a aprendizagem “memorística”.

Entende-se que a aprendizagem tem caráter idiossincrático, ou seja, o significado da aprendizagem é individual para cada pessoa, podendo mesmo ser radicalmente diferente entre os alunos de um mesmo grupo. O indivíduo está em contato constante com novas informações e este movimento permite a apropriação de novos conceitos que passam a modificar ou alterar as concepções dos indivíduos.

Quanto à finalidade básica dos mapas conceituais, esta consiste em ajudar os estudantes e educadores a captar o significado dos conceitos que serão aprendidos. A unidade básica do mapa é a proposição, formada por dois ou mais conceitos unidos entre si por termos que expressem ligação entre eles. A figura 1, abaixo, mostra um modelo simplificado para fazer um mapa conceitual.

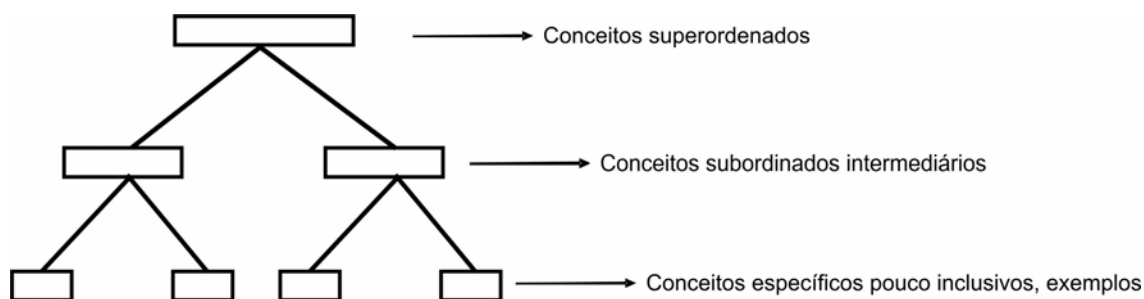


Figura 1.– Um modelo para mapeamento conceitual baseado em Moreira e Masini (1982, p.47).

Enquanto instrumentos de avaliação, os mapas conceituais podem ser utilizados para se ter uma imagem da organização conceitual e das relações hierárquicas entre conceitos que o aluno estabelece para um dado conteúdo, representando o aprendizado em qualquer disciplina. Esta é uma visão qualitativa mas que pode ser muito valiosa para o professor, no sentido de guiar sua prática pedagógica. Novak (1996 *apud* Almeida, 2003), implementou 4 critérios baseados na teoria cognitiva de Ausubel: proposições, hierarquias, ligações cruzadas e exemplos, que possibilitam uma avaliação em termos de pontuações dos mapas. Os exemplos também podem aparecer na base do mapa.

As proposições são as relações entre os conceitos; o professor deve verificar se as palavras-chave que ligam os dois conceitos, refletem significados entre eles e se a relação é verdadeira, ou seja, a validade conceitual. As linhas que conectam conceitos sugerem relações entre os mesmos, inclusive relações horizontais. No critério hierarquia, deve-se verificar a validade das relações entre os conceitos mais inclusivos ou mais gerais (que devem estar acima ou em destaque) dos mais subordinados ou mais específicos, que estariam localizados abaixo destes. É a validade das relações entre os conceitos mais inclusivos ou mais gerais que deve ser posicionado hierarquicamente, acima dos conceitos mais específicos ou subordinados.

Devem ser observadas, também, as ligações cruzadas ou transversais, que apresentam um critério de transversalidade ao mapa, ligando segmentos opostos horizontalmente. As ligações cruzadas conectam validamente segmentos horizontais opostos e representam maior grau de compreensão quando são simultaneamente significativas e válidas, expressando síntese de proposições ou conceitos relacionados. Caso apresentem apenas um dos critérios (significativa ou válida), a pontuação será menor. Existe a possibilidade de que o aluno faça uma ligação que seja criativa ou peculiar demonstrando, assim, sua criatividade.

As regras de pontuação dos mapas, de maneira geral, estão de acordo com as quatro especificações propostas por Novak, acima descritas, e são apresentadas abaixo, na tabela 1, baseadas no trabalho de Martins *et al.* (2009).

Crítérios classificatórios	Pontuação de acordo com cada característica dos critérios classificatórios
Proposições (ligação entre dois conceitos): se forem válidas e significativas	01
Hierarquia: cada nível válido	05
Ligações transversais: cada ligação se for válida e significativa	10
Somente válida	01
Ligação peculiar ou criativa	02
Exemplos: cada exemplo válido	01

Tabela 1.- Pontuação para mapas conceituais baseada em Martins *et al.* (2009).

A seguir, apresenta-se um exemplo da estruturação de um mapa conceitual para a pontuação.

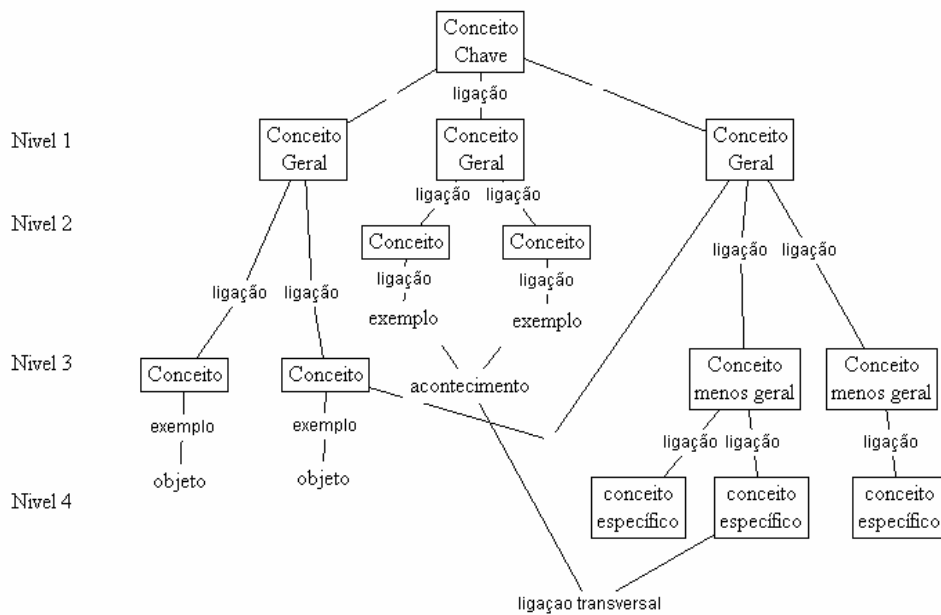


Figura 2. – Esquema de um exemplo de mapa conceitual para a pontuação (Novak e Gowin, 1996, p. 53 *apud* Almeida *et al.*, 2003).

Na figura 3, apresenta-se um modelo de mapa de referência no qual está representado o conhecimento cientificamente aceito e ensinado na relação DNA – RNA - proteínas. Mapas traçados por diferentes especialistas em uma mesma área do conhecimento provavelmente refletirão pequenas diferenças de compreensão e interpretação das relações entre conceitos–chave desta área. Um mapa deve ser visto apenas como uma das possíveis representações de certa estrutura conceitual (Moreira, 2006). Este mapa serviu como subsídio para a análise posterior dos mapas conceituais elaborados pelos seis alunos (anexos 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 e 10) que participaram dessa pesquisa.

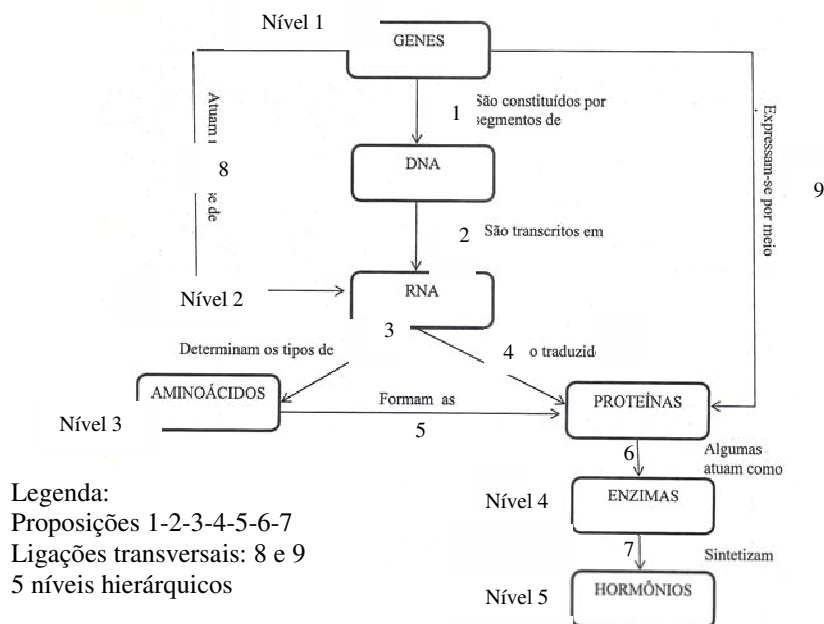


Figura 3.- Um Mapa de referência elaborado para o modelo DNA-RNA-proteínas que demonstra as relações julgadas válidas e significativas conceitualmente.

Procedeu-se, também, a categorização das proposições com a finalidade de auxiliar na diferenciação e hierarquização dos conceitos. Na tabela 2, as categorias retiradas do mapa conceitual modelo sobre a relação DNA-RNA-proteínas são apresentadas como subsídio para a análise dos dados.

Categorias	Descrição
01	Genes são constituídos por segmentos da molécula de DNA, são sequências de ácidos nucleicos com informação hereditária
02	O DNA contém informações para a síntese de um RNA ou proteína.
03	O RNA é sintetizado a partir de um modelo de DNA, processo chamado transcrição gênica.
04	O RNA determina os tipos de aminoácidos e a sequência em que eles devem se unir para formar a cadeia polipeptídica de uma proteína.
05	Os aminoácidos compõem as proteínas.
06	As proteínas, às vezes, atuam como enzimas ou hormônios.
07	Enzimas catalisam reações químicas como, por exemplo, sintetizando hormônios.
08	Proteínas estruturam e fazem funcionar o organismo, e, às vezes, atuam como hormônios.

Tabela 2.- Categorias retiradas do mapa conceitual de referência.

A pesquisa

A presente pesquisa foi realizada no Colégio Militar de Santa Maria – CMSM/RS/Brasil. O grupo foi composto por seis alunos do 2º ano do ensino médio, que participaram voluntariamente da mesma, formado por cinco meninas e um menino na faixa etária de 15 a 16 anos, ordenados de 1 a 6. A Unidade Didática (UD) aplicada utilizou como tema a síntese de proteínas, tendo como assunto integrador o hormônio do crescimento e foi desenvolvida no 2º semestre de 2009.

Os planejamentos didáticos foram estruturados segundo os 3MP propostos por Delizoicov e Angotti (1994), a saber: Problematização Inicial (PI), que se caracteriza pela apresentação de situações que estejam relacionadas com a temática central; Organização do Conhecimento (OC), na qual são dados os conhecimentos de biologia necessários à compreensão do tema central e o encaminhamento das soluções para as questões da PI; Aplicação do Conhecimento (AC), que encerra a UD e destina-se à utilização dos conhecimentos construídos pelos alunos para interpretar as situações problematizadoras, procurando identificar o grau de compreensão conseguido sobre as mesmas que foram propostas na PI.

As 20 horas/aula que configuraram a UD foram distribuídas da seguinte forma:

- PI, com duração de duas horas/aula, através do levantamento das concepções prévias sobre a relação DNA-RNA-proteínas. Procedeu-se da seguinte forma: Escolheu-se, previamente, 07 palavras relacionadas a conceitos correlatos à síntese de proteínas, que foram apresentados em pequenos retângulos de cartolina: GENES - DNA – RNA – PROTEÍNAS - ENZIMAS – AMINOÁCIDOS e HORMÔNIOS, colocados em um envelope e distribuídos aos 06 alunos. Eles deveriam colar estas palavras-conceito de acordo com as suas concepções em relação à ordem de pertinência e, hierarquia entre os mesmos. Estes assuntos não deveriam ser inéditos; logo, deveria haver um conhecimento prévio dos alunos porque eles já haviam estudado os mesmos na 1ª série do ensino médio. Após a montagem dos seis (06) mapas pelos alunos (anexos 1, 3, 5, 7 e 9) estes foram recolhidos, considerados como pré-testes.

Dessa forma, o objetivo consistia em identificar o nível de entendimento do grupo de alunos no relacionamento entre os conceitos dados antes da OC propriamente dita e depois compará-los.

- OC, com duração de 16 horas-aula, distribuídas entre aulas expositivas, práticas e no laboratório de informática. Para o acesso orientado ao GenBank, os alunos receberam um roteiro explicativo tipo passo a passo, que apresentava os caminhos de acesso aos links do NCBI. Utilizando como exemplo o hormônio do crescimento, os alunos percorreram os links sugeridos. Quando havia dúvidas, os alunos solicitavam a intervenção da professora orientadora. Após este acesso, eles enviaram para o endereço eletrônico da mesma, o produto desse trabalho.

- AC, com duração de duas horas/aula, destinadas à utilização dos assuntos aprendidos e para identificar o nível de entendimento conseguido pelos alunos durante a OC. Solicitou-se que os alunos fizessem novos mapas sobre os conceitos anteriormente recebidos, que constituíram os pós-testes (anexos, 2, 4, 6, 8 e 10). Assim sendo, foram distribuídas folhas de papel em branco, cola e um envelope, contendo o mesmo conjunto de 07 palavras-conceitos em pequenos quadrinhos distribuídos anteriormente como pré-testes na PI.

Análise dos mapas e discussão dos resultados

Os mapas conceituais são instrumentos que favorecem uma avaliação qualitativa, pois são produções individuais. Como os mapas conceituais não são autossuficientes, é aconselhável que sejam explicados por quem os faz, ou seja professores ou alunos. Salienta-se que os mapas elaborados pelos alunos deste grupo não foram apresentados oralmente, apenas procedeu-se a análise segundo a pontuação proposta por Novak e Gowin (1996). Os seis (06) mapas de conceitos, elaborados nos pré-testes deste trabalho, não foram pontuados porque não apresentaram condições para tal, segundo os critérios de análise

estabelecidos na tabela 1. Porém, eles foram extremamente relevantes para exteriorizar as dificuldades conceituais desse grupo de alunos. Nesses mapas, identificou-se conceitos soltos, sem nenhuma proposição conectora, demonstrando claramente uma visão fragmentada e descontextualizada sobre a síntese de proteínas. Os mapas conceituais analisados para a pontuação neste trabalho foram apenas os elaborados no pós-teste, de acordo com os critérios presentes na referida tabela.

Critérios classificatórios	Mapa Conceitual de referência (MCR)
a) Proposições (ligações entre dois conceitos) cada ligação se for válida e significativa	07
b) Hierarquia: cada nível	05 x 5
c) Ligações transversais: cada ligação se for válida e significativa - Somente válida - Ligação peculiar ou criativa	02 x 10
d) Exemplos: cada exemplo válido	0
Pontuação	52 pontos

Tabela 3.- Pontuação do Mapa Conceitual de Referência (MCR) de acordo com a figura 2, baseado em Martins et al. (2009).

	AI/01	AI/02	AI/03	AI/04	AI/05	AI/06
a) Proposições	0	4	4	0	2	6
b) Hierarquias	2x5	5x5	5x5	0	0	4x5
c) Ligações transversais: cada ligação se for válida e significativa	0	10	10	0	0	0
- Somente válida	0	0	0	0	0	0
- Ligação peculiar ou criativa	0	2	2	0	0	0
d) Exemplos	0	0	0	0	0	0
Pontuação	10	41	41	0	2	26

Tabela 4. – Pontuações dos mapas elaborados pelos 06 alunos nos pós-testes.

Para efeito deste artigo, analisa-se como exemplo o mapa conceitual do aluno 3, elaborado nos pré e pós-testes, pois este foi o que mais se aproximou do esperado em termos de representação conceitual correta da relação DNA-RNA-proteínas. No pré-teste desse aluno, identificam-se as dificuldades em traçar as

relações entre os conceitos, pois o aluno agrupou os conceitos em dois lados distintos. Num lado, ele agrupou Genes-DNA-enzima-RNA, pois na sua compreensão anterior eles se relacionavam de alguma forma; assim, como proteínas, aminoácidos e hormônios eram palavras-conceitos que, no primeiro momento, na confecção do mapa no pré-teste, ele não sabia onde encaixá-los e que tipo de relação havia entre eles.

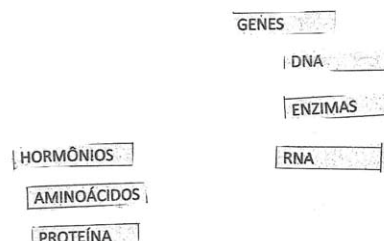


Figura 4.- Mapa conceitual elaborado pelo aluno 3 (AI 3) no pré-teste, durante a PI.

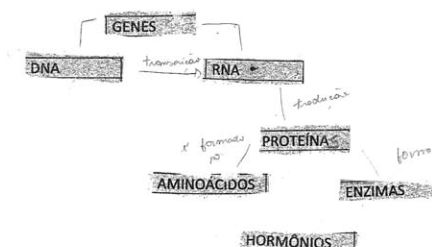


Figura 5.- Mapa conceitual elaborado pelo AI 3, durante a AC, que constitui o pós-teste.

No pós-teste, evidenciou-se a compreensão da relação DNA-RNA-proteínas, pois o aluno usa as setas conectoras adequadas e as palavras de conexão entre os conceitos. Utiliza os termos de ligação entre os conceitos que identificam a síntese de proteínas que são transcrição e tradução. Representa corretamente o “Dogma Central” da biologia molecular. Escapou a ele somente a seta conectora do conceito hormônio, mas ele, ainda assim, aproximou-o do grupo de conceitos que lhe eram pertinentes. Obteve 41 pontos de acordo com a tabela 5. Identificou os 5 níveis hierárquicos, elaborou 4 proposições corretamente, fez uma ligação transversal e demonstrou criatividade na apresentação da relação genes-DNA-RNA-proteína.

O aluno 1, no seu pós-teste (anexo 2), simplesmente colou as palavras-conceito genes e DNA próximas, idêntico procedimento realizado com proteínas e enzimas. No seu mapa, este aluno representa apenas dois níveis hierárquicos corretamente. Ayuso e Banet (2002) apontaram que os alunos apresentam dificuldades em localizar as informações hereditárias, o que se constituiu num obstáculo muito importante para a compreensão dos aspectos básicos da herança biológica. Este aluno não identificou a conexão gene-DNA, conforme problemas já apontados por Carneiro e Silveira (2004), no qual alunos do ensino médio não reconheceram a relação célula-cromossomo-gene-DNA.

Quanto ao aluno 2, este demonstrou, através de seu mapa, no pós-teste (anexo 4) uma representação conceitual na qual as palavras-conceitos estão interrelacionadas. Utilizou palavras de ligação corretamente em relação à síntese de proteínas, que são transcrição e tradução e setas conectoras entre os conceitos. Apenas não conseguiu relacionar, de maneira satisfatória, a palavra-

conceito hormônio no seu mapa. Apresentou, em tal mapa, uma ligação transversal significativa e criativa e semelhante ao aluno 3, obteve 41 pontos em seu mapa.

O aluno 3 demonstrou um excelente relacionamento entre os conceitos estudados, haja vista ter sido escolhido como exemplo já descrito anteriormente. No pós-teste, seu mapa acrescentou palavras de ligação e setas conectoras entre os conceitos, construindo um mapa com ligação transversal significativa, com demonstração de criatividade na representação dos conceitos estudados.

Os mapas dos alunos 2 e 3 se revestiram de significado, pois esses alunos de ensino médio identificaram os mecanismos de transcrição e tradução o que, recentemente, de acordo com pesquisa realizada por Primon e Rezende (2009), com 33 estudantes do último semestre do curso de licenciatura em Ciências Biológicas sobre a relação DNA, RNA, aminoácidos e proteínas, apenas 37% identificaram os termos mas apresentaram uma conceituação ingênua ou desconhecida e 40% apenas conheciam os termos e tinham definições memorizadas, sem compreensão real dos significados.

O aluno 4, no seu mapa, no pós-teste (anexo 6) colocou a palavra-conceito hormônio menos inclusiva e mais específica no topo do seu mapa numa leitura do conceito menos abarcativa para o mais abarcativo. Não utilizou setas ou palavras e não identificou a hierarquização entre os conceitos. Isto sinaliza que a aprendizagem deste aluno não foi significativa e ofereceu uma clara demonstração das deficiências no ensino nesta área, como apontam Lewis *et al.*(2000), que constataram que o currículo e os livros didáticos incluem, frequentemente, processos complexos, como síntese de proteínas e engenharia genética, sem oferecer a devida correlação com os conceitos básicos envolvidos, que devem ser primeiramente entendidos. Da mesma forma, isto foi confirmado nas pesquisas de Carvalho e Teixeira (2006), que identificaram a falta de conhecimento adequado sobre gene e proteína em alunos do ensino médio e licenciados em Biologia. Martinez–Gracia *et al.*(2006) também constataram vários erros nos livros didáticos que dificultam a aprendizagem dos conceitos, pois as informações são factuais, levando em conta que o livro didático é um dos mais importantes recursos utilizados pelos professores no Brasil, como igualmente já evidenciaram as pesquisas de Xavier *et al.* (2006).

Em relação ao aluno 5 (anexo 8) observou-se que os conceitos apresentados no seu mapa foram desorganizados. Ele apresentou apenas duas proposições corretas e as suas ligações entre as palavras–conceitos, de um modo geral, apontam que o aluno tem dificuldades na organização das ideias para a compreensão das relações conceituais envolvendo a síntese de proteínas, o que comprova o identificado por Wood *et al.* (1998), em pesquisas realizadas com alunos espanhóis: 40% deles não tinham ouvido falar do código genético e nenhum dos estudantes pesquisados estabeleceu uma ligação entre o código genético e a síntese de um produto gênico, tal como uma proteína.

No que se refere ao mapa conceitual do aluno 6, (anexo 10) ele estabeleceu 4 níveis hierárquicos e 6 proposições corretas, apesar de não usar termos de ligação entre elas. Apresentou uma relação satisfatória entre as palavras-conceitos no seu mapa: genes-DNA, DNA-RNA, RNA-aminoácidos, proteínas-enzimas e proteínas-hormônios. Porém, ele não escreveu as palavras conectoras, chaves do processo de síntese de proteínas. Para Primon e Rezende (2009), esses processos constituem um ponto de grande fragilidade no conhecimento no grupo de

universitários investigados em final de curso de Ciências Biológicas.

Um estudo realizado por Carvalho e Bossolan (2009) concluiu que é necessária uma interrelação entre o assunto proteína e outros, como genética, mostrando aos alunos que a proteína estudada no capítulo da nutrição é a mesma do capítulo da genética. Acrescentar-se-ia, ainda, que os hormônios do capítulo sobre o sistema endocrinológico são os mesmos da genética. Sobre a palavra-conceito hormônio, que é um conceito específico em relação ao conceito de gene, os alunos tiveram dificuldades em elaborar as ligações corretamente.

O mapa do aluno 6 apresentou uma relativa capacidade organizacional na tentativa de dar significado à relação entre as palavras-conceitos. Este aluno conseguiu contemplar, alguns critérios classificatórios, obtendo 26 pontos.

Elenca-se os possíveis motivos pelos quais os alunos 1, 4 e 5 não aproveitaram plenamente a UD. Um deles reside no que aponta Ausubel et al. (1980 *apud* Moreira, 1986, 1999). Segundo esses autores, o aprendiz deve manifestar uma disposição para relacionar significativamente a nova informação à sua estrutura cognitiva. Nesse aspecto, o uso de estratégias facilitadoras de aprendizagem funcionará como um reforço à sua disposição em aprender. Porém, se a intenção do aprendiz for apenas a de memorizar de maneira arbitrária e literal a nova informação, seja ela significativa ou não, a aprendizagem só poderá ser mecânica. Logo, a estratégia facilitadora não influenciaria no aprendizado.

Outro empecilho diagnosticado refere-se ao tempo destinado à execução da UD. Seria necessário aplicar este estudo por um período maior, para que os alunos tivessem mais oportunidades de identificar suas deficiências conceituais e reelaborassem seus mapas. Também pode-se considerar que outra limitação da UD residiu no fato do tema proposto partir dos pesquisadores e não dos alunos; portanto, naquele momento, a temática não se revestiu de significado para os alunos 1, 4 e 5. Outra questão importante é que, para o aluno chegar à concepção científica, é necessário que tenha havido uma mudança conceitual. Essas mudanças não são simples, pois fazem parte de um processo metodológico e epistemológico. Posner e Cós (*apud* Garrido, 1991) apontam que, para haver mudança conceitual, os alunos devem se sentir insatisfeitos com as limitações de suas representações e abertos às explicações científicas.

Como esclarece Santos (1991), na busca de tentar entender os conteúdos das crenças e ideias dos alunos antes, durante e depois do ensino, as pesquisas têm evidenciado características peculiares dessas ideias como pessoais, já que cada indivíduo interioriza suas experiências de maneira própria; que elas são coerentes, pois a eles parecem sensatas e úteis e, finalmente, são estruturadas e resistentes às mudanças, porque persistem, apesar de serem ensinadas as concepções científicas a eles. Essa mesma autora esclarece que o conhecimento se constrói por re-estruturações sucessivas. Contudo, a mudança não é nada fácil. Qualquer ideia está articulada de uma forma complexa a muitas outras ideias. Por conseguinte, mudar uma implica, muitas vezes, repensar outras. O conhecimento individual não é um conjunto discreto de elementos, mas, antes, uma série de estruturas. A aprendizagem envolve o desenvolvimento e a mudança de tais estruturas.

Finalmente, sinaliza-se a importância dos conhecimentos conceituais prévios a partir dos quais os alunos constroem o seu saber, ao qual se dá o nome de ideias prévias. De acordo com Pozo (1987), citado por Garcia-Millá (2004), as ideias prévias dos alunos originam-se em sua interrelação cotidiana com o mundo e, habitualmente, persistem ao ensino. São estáveis e apresentam resistências à

mudança, já que os alunos não as modificam, apesar de esforços do professor para mudá-las. Estas ideias prévias foram identificadas em crianças e adultos, inclusive em universitários, em sua área de especificidade.

Conclusões

Os mapas conceituais, em relação à avaliação, têm como objetivo perceber e obter informações sobre o tipo de estrutura que o aluno apresenta para um determinado grupo de conceitos, ou seja, a estrutura hierárquica da organização do conteúdo na mente do mesmo. Eles permitiram perceber, claramente, nesta pesquisa, que os alunos 1, 4 e 5 apresentaram, nos seus mapas, relações equivocadas entre as palavras-conceitos. E os alunos 2, 3 e 6 apresentaram, de forma significativa, a relação entre os conceitos com palavras de ligação e setas conectoras, com os melhores mapas por ordem de organização e estruturação das palavras-conceitos envolvidas no corpo de conhecimentos da relação genes-proteínas. Obtiveram, assim, a melhor pontuação em relação aos 52 pontos do mapa de referência, alunos 2 e 3, 41 pontos e aluno 6, 26 pontos. Os desenhos dos mapas dos alunos 2 e 3 se destacaram por serem os melhores do grupo e por apresentarem criatividade.

Quanto aos mapas dos alunos 1, 4 e 5, ficaram evidenciadas as deficiências conceituais persistentes neles sobre a relação DNA-RNA-proteínas, já comprovadas, tanto no ensino médio, quanto no universitário pelas pesquisas citadas na discussão dos resultados. Aposta-se em novas estratégias didáticas para o ensino de biologia molecular, utilizando-se a bioinformática no ensino médio, já que há projetos por parte do governo brasileiro para que a maioria das escolas possuam computadores com acesso à internet. Acredita-se que um vislumbre dos conhecimentos depositados nos bancos de dados, como por exemplo, o NCBI, de forma orientada pelo professor, pode ser uma ferramenta para atrair a atenção e o interesse dos alunos do ensino médio.

Os links do GenBank apresentam uma possibilidade de exploração e integração em relação a alguns conceitos de síntese de proteínas, de modo que a aprendizagem se torne mais efetiva e progressiva. Para três alunos participantes da pesquisa, essa experiência se revestiu de significado, haja vista os mapas conceituais elaborados por eles no final da aplicação da UD. Porém, em relação aos demais pode-se inferir que é necessária uma retomada das suas dificuldades conceituais básicas nos conceitos fundamentais sobre síntese de proteínas que dificultarão, no futuro, o estabelecimento de conexões em outros assuntos presentes no currículo do ensino médio de biologia pertinentes à Genética.

Embora 03 alunos não alcançassem os resultados esperados, esta experiência aponta para novos horizontes em relação à necessidade de ferramentas didáticas diversificadas, principalmente as amparadas em recursos da informática, estratégias estas condizentes com o perfil dos alunos na atualidade, inseridos, na sua maioria, em uma sociedade digitalizada. Estes alunos são chamados de “nativos digitais”, expressão cunhada por Marc Prensky, em 2007, para designar os nascidos depois de 1980.

Concluiu-se que o acesso ao GenBank foi uma ferramenta relevante, que ajudou os alunos 2, 3 e 6 a avançar em sua rede conceitual em relação à síntese de proteínas. Eles relacionaram os conceitos e utilizaram corretamente os termos de ligação para que as proposições fossem explicitadas. Demonstraram compreensão dos conceitos ao estabelecer as proposições corretas e utilizaram acertadamente os termos de ligação que esclareceram a subordinação entre as

palavras-conceitos.

Referências Bibliográficas

Almeida, F.C.P.; Souza, A.R. e P. A. V. Urenda (2003). Mapas conceituais: avaliando a compreensão dos alunos sobre o experimento fotoelétrico. *Atas do IV Encontro Nacional de Pesquisa de Educação em Ciências*. Bauru: ABRAPEC.

Ausubel, D. P. *et al.* (1980). *Psicologia educacional*. Rio de Janeiro: Interamericana.

Ayuso, G. E. y E. Banet (2002). Alternativas a la enseñanza de la genética en educación secundaria. *Enseñanza de las Ciencias*, 20, 1, 133-157.

Campos M. C. da C. e R. G. Nigro (1999). *Didática de ciências: o ensino-aprendizagem como investigação*. São Paulo: FTD.

Carneiro L. R. C. e R. V. M. Silveira (2004). Um jogo de interpretação (RPG) para o ensino de Genética: “Em busca do gene perdido”. Em Anais do IX “*Encontro Perspectivas do Ensino de Biologia*” (pp.118). São Paulo: Faculdade de Educação da Universidade de São Paulo.

Carvalho, J. C de Q. e N.R.S Bossolan (2009). *Algumas concepções de alunos do ensino médio a respeito de proteínas*. Em: <http://www.fae.ufmg.br/abrapec/viempec/7enpec/pdfs/992.pdf>.

Carvalho, L. G de e G. A. P. B. Teixeira (2006). Biologia molecular na sala de aula: um diagnóstico. Em anais do X Encontro “*Perspectivas do Ensino de Biologia*” e “1º Encontro Regional de Ensino de Biologia (MT/MS/SP)” (pp.97-98). São Paulo: Faculdade de Educação da Universidade de São Paulo.

Delizoicov, D. e J. A. P. Angotti (1994). *Metodologia do ensino de ciências*. São Paulo: Cortez. Coleção Magistério 2º grau.

Galogovsky, L.R.(1993). Redes conceptuales: base teórica e implicaciones para el proceso de enseñanza-aprendizaje de las Ciências. *Enseñanza de las Ciências*, 11, 3, 301-307.

Garcia-Milá, M. (2004). O ensino e a aprendizagem das ciências físico- naturais: uma perspectiva psicológica. Em: Coll, C.; Álvaro, M. e Palacios, J. (Eds.) *Desenvolvimento psicológico e educação: Psicologia da educação escolar*. (pp. 361-363). Porto Alegre: Artmed

Garrido, E. *et al.* (1991). A sala de aula como espaço de construção cognitiva, de interação e desenvolvimento social dos sujeitos: o vídeo como recurso metodológico. *V Congresso de Ciências Humanas, Letras e Artes*, Ouro Preto MG. Em: <http://www.ichs.ufop.br/conifes/anais/EDU/ed2308.htm>

Guimarães, M. A. (2004). Usando o biology workbench Em anais do “IX Encontro Perspectivas do Ensino de Biologia” (pp.93). São Paulo: Faculdade de Educação da Universidade de São Paulo.

Lewis, J.; Leach, J. and C. Wood-Robinson. (2000). All in the genes? Young people’s understanding of the natures of genes. *Journal of Biological Education*, 34, 2, 74-79.

Martins, R. L. C.; Verdeaux, M. de F. da S. e C. M. S. G. de Sousa (2009). A utilização de diagramas conceituais no ensino de física em nível médio: um estudo

em conteúdos de ondulatória, acústica e óptica. Em: <http://www.sbfisica.org.br/rbef/pdfq313401.pdf>

Martinez-Gracia, M. V.; Gil-Quílez, M. J. e J. OSADA (2006). Analysis of molecular genetics content in spanish secondary school textbooks. *Journal of Biological Education*, 40, 2, 53-60.

Moreira, M. A. (1986). Mapas conceituais. *Caderno Catarinense de Ensino de Física*, 3, 17-25.

_____. (1999). *Teorias de aprendizagem*. São Paulo: Editora Pedagógica e Universitária Ltda.

_____. (2006). *Mapas conceituais & diagramas V*. Porto Alegre: Editora do autor.

Moreira, M. A. e E. F. S. Masini (1982). *Aprendizagem significativa: a teoria de David Ausubel*. São Paulo: Editora Moraes Ltda.

Novak, J. D. (1990). Concept mapping: a useful for science education. *Journal of Research in Science Teaching*, 27,10, 937-949.

Novak, J. y B. Gowin, (1988). *Aprendiendo a aprender*. Espanha: Martinez Roca.

_____. (1996). *Aprender a aprender*. Lisboa: Plátano Edições Técnicas.

Primon, C. S. F.e D. de B. Rezende (2009). Conhecimento de graduandos do último semestre de cursos de licenciatura em Ciências Biológicas sobre DNA e RNA. VII ENPEC - Encontro Nacional de Ensino de Ciências. Em: <http://www.fae.ufmg.br/abrapec/viempec/7enpec/pdfs/1599.pdf>

Rosa, R.T.N. da e E. L. S. Loreto (2010). Utilizando o GenBank como integrador de conceitos de Biologia molecular. Em: <http://www.geneticanaescola.com.br/Ano5vol2.htm>

Santos, M. E. V. M dos (1991). *Mudança conceitual na sala de aula: um desafio pedagógico*. Lisboa: Livros Horizontes.

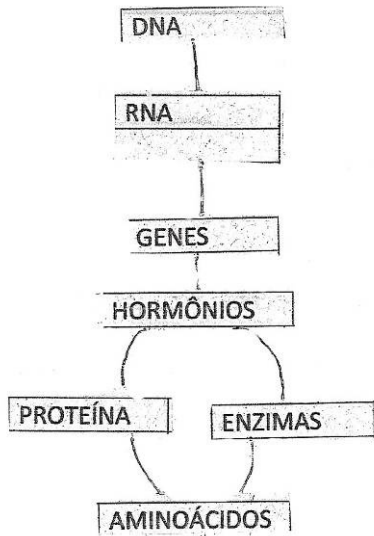
Xavier, M. C. F.; Freire, A. de S. e M. O. Moraes (2006). A nova (moderna) biologia e a genética nos livros didáticos de biologia no ensino médio. *Ciência & Educação*, 12, 3, 275-289.

Wood-Robinson, C; Lewis, J., Leach J. y R. Driver (1998). Genética y formación científica: resultados de un proyecto de investigación y sus implicaciones sobre los programas escolares y La enseñanza. *Enseñanza de las Ciencias*, 16, 1, 43-61.

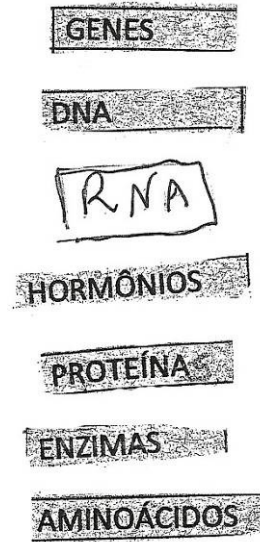
Atas do IX Encontro de Perspectivas do Ensino de Biologia (2004). São Paulo: Faculdade de Educação da Universidade de São Paulo.

Atas do X Encontro de Perspectivas do Ensino de Biologia (2006). São Paulo: Faculdade de Educação da Universidade de São Paulo.

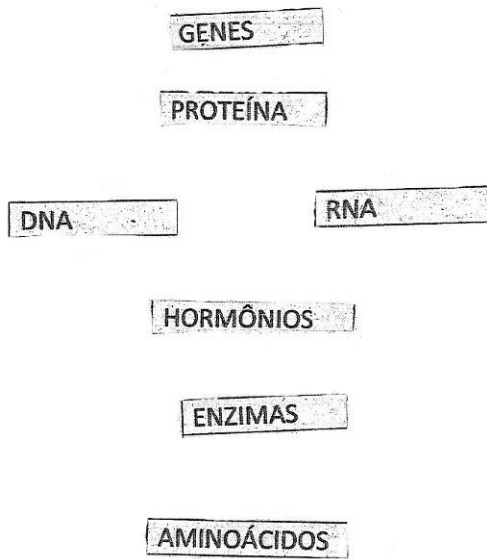
Anexos



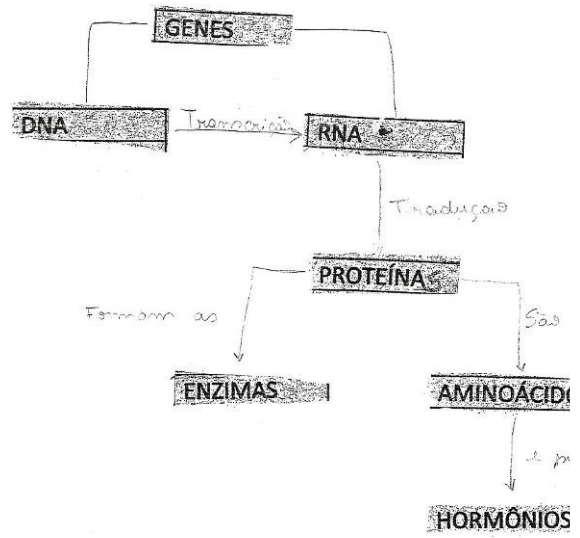
Anexo 1. - Mapa elaborado pelo aluno 1, pré-teste



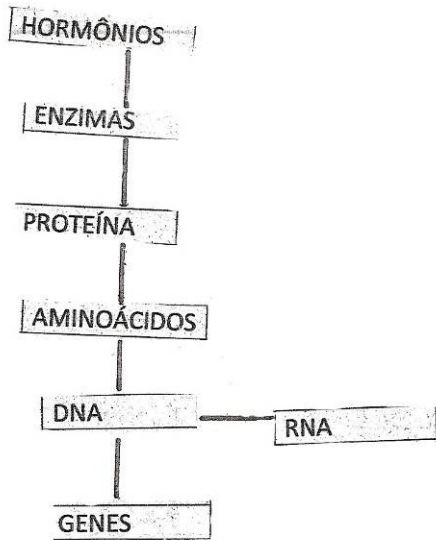
Anexo 2. - Mapa elaborado pelo aluno 1, pós-teste.



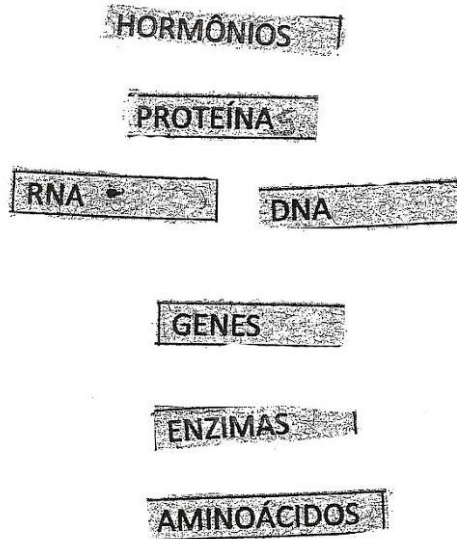
Anexo 3. - Mapa elaborado pelo aluno 2- pré-teste.



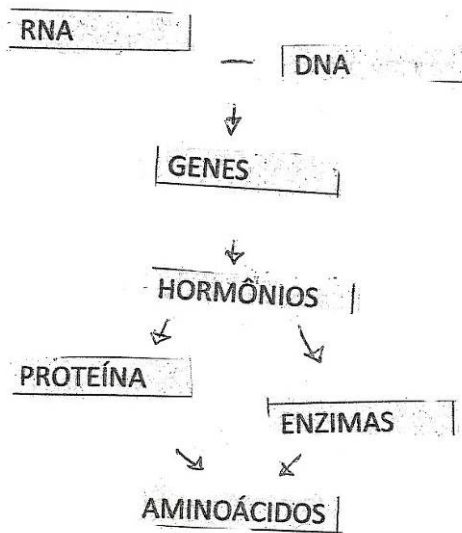
Anexo 4. - Mapa elaborado pelo aluno 2 – pós-teste.



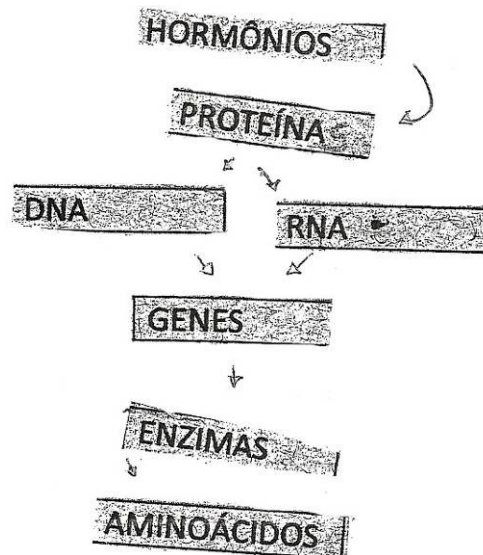
Anexo 5. – Mapa elaborado pelo aluno 4 - pré-teste.



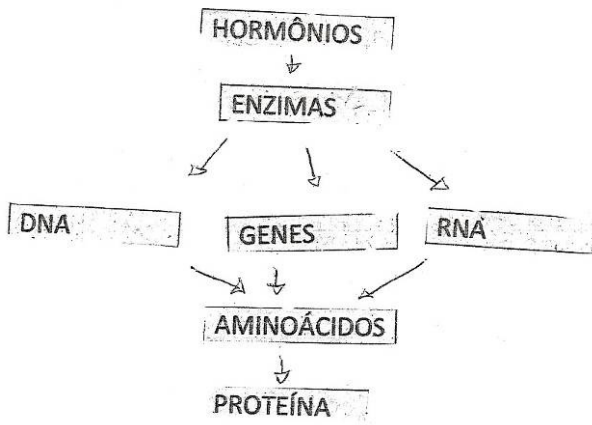
Anexo 6. - Mapa elaborado pelo aluno 4 – pós-teste.



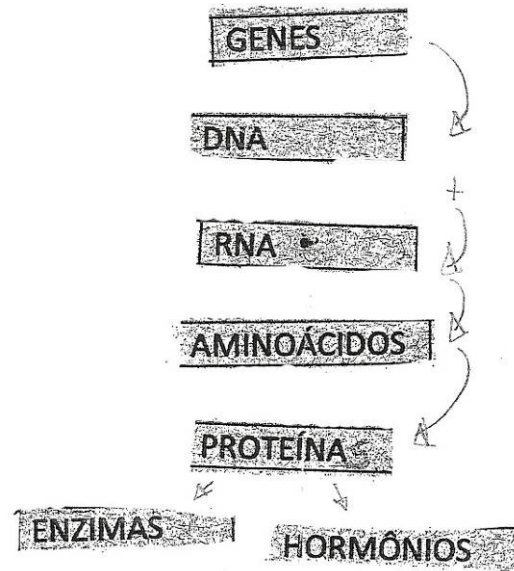
Anexo 7. - Mapa elaborado pelo aluno 5 - pré-teste.



Anexo 8. - Mapa elaborado pelo aluno 5 – pós-teste.



Anexo 9. - Mapa elaborado pelo aluno 6 - pré-teste.



Anexo 10. - Mapa elaborado pelo aluno 6 - pós-teste.