

INOVAÇÃO NO ENSINO MÉDIO: INTEGRANDO A BIOINFORMÁTICA AO CURRÍCULO DE BIOLOGIA


Innovation in high school: integrating bioinformatics into the Biology curriculum

Patrícia Oliveira¹ 

Vanessa Bernardes² 

Rhewter Nunes³ 

Renata de Oliveira Dias⁴ 

Héctor Antônio Assunção Romão⁵ 

¹Doutoranda em Genética e Biologia Molecular na UFG desde 2022. Mestre em Genética e Biologia Molecular pela Universidade Federal de Goiás. Graduação em Ciências Biológicas (Licenciatura e Bacharelado) pela Faculdade Anhanguera de Anápolis - GO
E-mail: paty_rasteiro@hotmail.com

²Pós-doutorado na área de Bioinformática (2022) pela UFG. Graduação em Ciências Biológicas pela Universidade Estadual de Goiás (2011). Doutorado em Genética e Biologia Molecular pela Universidade Federal de Goiás (UFG - 2018). Mestrado em Genética e Biologia Molecular pela Universidade Federal de Goiás (2014). Graduação em Ciências Biológicas pela Universidade Estadual de Goiás (2011). Professora da Rede Estadual de Educação de Goiás-SEDUC-GO.
E-mail: vanessabernardes08@gmail.com

³Doutor e mestre em Genética e Melhoramento de Plantas. Graduação em Ciências Biológicas. Atualmente é Professor Adjunto da Universidade Estadual de Goiás (UEG).
E-mail: rhewter@ueg.br

⁴Pós-Doutorado. Universidade de São Paulo, USP, Brasil (2019). Doutorado em Ciências (Genética e Melhoramento de Plantas) Universidade de São Paulo, USP, Brasil. Mestrado em Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa, UFV, Brasil. Professora do Magistério Superior na Universidade Federal de Goiás (UFG)
E-mail: renata_dias@ufg.br

⁵Mestrando em Genética e Biologia Molecular na Universidade Federal de Goiás. Graduado em Ciências Biológicas pela Universidade Federal de Goiás (UFG) em 2023.

Revista Educação em Contexto

Secretaria de Estado da Educação

de Goiás - SEDUC-GO

ISSN 2764-8982

Periodicidade: Semestral.

v. 5 n. 1, 2026.

educacaoemcontexto@seduc.go.gov.br

Recebido em: 02/12/2025

Aprovado em: 19/06/2026

DOI: <https://doi.org/10.5281/zenodo.20801645>

Resumo

A bioinformática não é uma disciplina recente, tendo se desenvolvido progressivamente a partir do avanço de tecnologias computacionais e de descobertas em biologia molecular, como o surgimento de métodos modernos de sequenciamento de DNA. Por sua natureza interdisciplinar, integra áreas como biologia, matemática, informática, física e química, além de dialogar com campos aplicados, como a saúde. No contexto educacional, o uso de ferramentas de bioinformática em sala de aula representa uma oportunidade para a construção e mobilização de conhecimentos científicos relacionados a conceitos e fenômenos biológicos, promovendo uma aprendizagem mais ativa e contextualizada. Este trabalho tem como objetivo propor o uso da bioinformática como ferramenta para o ensino de conceitos e fenômenos biológicos na educação básica, com base nas competências gerais da Base Nacional Comum Curricular (BNCC) e no Documento Curricular de Goiás. Para isso, foram selecionados competências e objetivos nos respectivos documentos, seguidas de uma busca sistemática por artigos publicados contendo propostas de atividades voltadas para o Ensino Médio. Foram identificados 40 artigos, dos quais 5 apresentavam propostas que não requerem o uso de computador, permitindo adaptações a diferentes realidades escolares. As atividades foram classificadas quanto ao nível de dificuldade: 21 básicas, que podem ser aplicadas como introdução aos conceitos; 10 intermediárias; e 9 avançadas, indicadas para estudantes com maior familiaridade com os temas e ferramentas. Os resultados indicam que a bioinformática constitui um recurso pedagógico potente, capaz de aproximar a ciência da prática escolar e de favorecer o aprofundamento de conceitos de biologia em diferentes eixos temáticos. Além disso, mostra-se alinhada às competências da BNCC e aos objetivos do Documento Curricular de Goiás, contribuindo para uma formação científica mais integrada e atualizada no Ensino Médio.

Palavras - chave: Aprendizagem. Currículo. BNCC. Documento Curricular de Goiás. Educação em bioinformática.

Abstract

Bioinformatics is not a recent discipline; it has developed progressively alongside advances in computational technologies and molecular biology discoveries, such as the emergence of modern DNA sequencing methods. By its interdisciplinary nature, bioinformatics integrates fields such as biology, mathematics, computer science, physics, and chemistry, and also interacts with applied areas like health sciences. In the educational context, the use of bioinformatics tools in the classroom represents an opportunity to construct and mobilize scientific knowledge related to biological concepts and phenomena, promoting more active and contextualized learning. This work proposes the use of bioinformatics as a tool for teaching biological concepts and phenomena in basic education, based on the general competencies outlined in the Base Nacional Comum Curricular (BNCC) and the Curricular Document of Goiás. To this end, competencies and objectives were selected from these documents, followed by a systematic search for published articles describing activity proposals for high school education. A total of 40 articles were identified, five of which presented activities that do not require the use of computers, allowing adaptations to different school contexts. The activities were classified by difficulty level: 21 basic, suitable as introductory activities; 10 intermediate; and 9 advanced, designed for students with greater familiarity with the topics and tools. The results indicate that bioinformatics is a powerful pedagogical resource that brings science closer to classroom practice and supports the deepening of biological concepts across different thematic areas. Furthermore, it aligns with the BNCC competencies and the objectives of the Curricular Document of Goiás, contributing to a more integrated and up-to-date scientific education in high school.

Keywords: Learning. Curriculum. BNCC. Goiás Curriculum Document. Bioinformatics education.

INTRODUÇÃO

A bioinformática é uma área de estudo interdisciplinar que envolve biologia, matemática, informática, física e química. Ela se desenvolve ao longo dos anos a partir da crescente necessidade de analisar dados gerados com o avanço das tecnologias da biologia molecular, tais como o sequenciamento do DNA. Sem o auxílio dos computadores e das ferramentas de análise de dados biológicos construídas pela bioinformática, muitas investigações científicas levariam muito mais tempo ou nem poderiam ser resolvidas.

Margaret Dayhoff foi pioneira no uso de computadores para resolver problemas biológicos, utilizando-os na elaboração da sua tese de doutorado em 1949 (OAKLEY; KIMBALL, 1949). Poste-

riormente, entre 1958 e 1962, junto com Robert S. Ledley, eles desenvolveram um programa de computador (COMPROTEIN) para determinar a estrutura primária de uma proteína, utilizando dados de sequenciamento de peptídeos (DAYHOFF; LEDLEY, 1962).

Após a descoberta da estrutura da molécula de DNA por Watson e Crick em 1953, baseada nos dados obtidos por Rosalind Franklin por meio de difração de raios X, a leitura das sequências do DNA ainda não era possível. Em 1977, Sanger conseguiu desenvolver um método para leitura das bases do DNA e realizou o primeiro sequenciamento de um genoma, o do bacteriófago $\phi X174$ com 5.375pb (pares de bases) (SANGER *et al.*, 1977). Outro marco

importante na história da bioinformática foi o consórcio entre várias instituições de pesquisa para a geração e análise do primeiro rascunho do genoma humano, essa iniciativa ficou conhecida como o Projeto Genoma Humano (1990-2001) (INTERNATIONAL HUMAN GENOME SEQUENCING CONSORTIUM, 2001). Entretanto, o genoma humano só foi concluído recentemente, depois de mais de 20 anos, quando os avanços científicos permitiram o preenchimento de várias lacunas na sua montagem (NURK et al, 2022).

Em 2005 houve outro salto no avanço da tecnologia de análise do DNA com o desenvolvimento do sequenciamento de nova geração (*NGS - Next Generation Sequencing*), o qual aumentou drasticamente a quantidade de sequências geradas nas análises (GAUTHIER et al., 2019). A terceira geração de sequenciadores aumentou a capacidade de sequenciar moléculas individuais em tempo real, sem a necessidade de amplificação prévia, como ocorre nas tecnologias de primeira e segunda geração. Uma das tecnologias de terceira geração é a tecnologia de sequenciamento por nanoporos, que utiliza variações na corrente elétrica para identificar sequências de bases nitrogenadas em tempo real (DEAMER; AKESON BRANTON, 2016).

O aumento do poder computacional (capacidade de processamento e armazenamento) e a expansão da internet em todo o mundo a partir da década de 1990 contribuíram para o acesso aos bancos de dados biológicos, às ferramentas de bioinformática e a maior agilidade na análise dos dados. Bancos de dados podem armazenar sequências de ácidos nucleicos (DNA e RNA), incluindo genomas completos; sequências de aminoácidos (proteínas), estrutura de proteínas e suas funções, expressão gênica e vias metabólicas (LESK, 2008). Bancos de dados como o NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) e o UniProt (*Universal Protein*) mantêm ferramentas e

acesso a informações biológicas de forma gratuita e são utilizados por cientistas do mundo todo.

As aplicações do uso da bioinformática é diverso, abrangendo áreas como a predição de árvores filogenéticas (STAMATAKIS, 2014; KUMAR et al., 2018; MINH et al, 2020; LU et al., 2020), melhoramento genético (HASAN et al., 2021), biologia forense e identificação de espécies com DNA *barcode* (ou código de barras de DNA) (HEBERT et al., 2003, RATNASINGHAM e HEBERT, 2007), diagnóstico de doenças (SU et al., 2022), desenvolvimento de vacinas (ANTONELLI et al., 2022; KHAN et al., 2022) e vigilância de epidemias, tal como ocorreu na pandemia causada pelo vírus SARS-CoV-2 (LU et al., 2020).

RIVAS; BONAVIDES-MARTÍNEZ; CAMPOS-LABORIE (2019) analisaram publicações científicas em bioinformática de países da América Latina e encontraram 2.119 artigos de pesquisa originais publicados entre 1991 e 2016 e 1.068 artigos foram atribuídos ao Brasil. O Brasil desempenha um papel significativo na pesquisa científica com o uso da bioinformática, o que ressalta a importância de integrar essa temática nas aulas do ensino básico.

Com o uso da bioinformática também como recurso pedagógico, os alunos do Ensino Médio com computadores podem ter acesso às mesmas ferramentas utilizadas por pesquisadores, promovendo o interesse dos estudantes e fornecendo acesso a dados biológicos acumulados de todo o mundo (KOVARIK et al., 2013). Além disso, os alunos também podem desenvolver um modelo simplificado de análise de dados usando lápis e papel (FORM; LEWITTER, 2011). Um workshop oferecido por uma universidade nos Estados Unidos mostrou por experiência que a introdução da bioinformática para alunos do Ensino Médio tem sido extremamente positiva, pois, independentemente de seus diversos interesses,

os alunos são receptivos a aprender sobre a área (NIEPIELKO; SHUMSKAYA, 2021).

A aprendizagem com recursos da bioinformática na sala de aula pode ser um meio de construir e mobilizar conteúdos científicos relacionados a conceitos e fenômenos biológicos (KOVARIK *et al.*, 2013; MACHULF *et al.*, 2017; CASTRO *et al.*, 2020; NUNES *et al.*, 2020; MARTINS; ZANOTTI; SOLÉ-CAVA, 2022; MENDES *et al.*, 2022). Desta maneira, este trabalho tem o objetivo de propor o uso da bioinformática como recurso pedagógico para o ensino de conceitos e fenômenos da biologia na educação básica, apoiado nas habilidades da Base Nacional Comum Curricular (BNCC) e no Documento Curricular de Goiás (DC-GO).

DESENVOLVIMENTO

METODOLOGIA

O trabalho tem carácter descritivo e exploratório com abordagem qualitativa. Para isso, primeiro as Competências Gerais das Ciências da Natureza (CNT) foram selecionadas e, em seguida, as habili-

dades da BNCC e os objetivos de aprendizagem do Documento Curricular de Goiás (2023).

As plataformas Scopus da Elsevier, Google Acadêmico, Google e PubMed foram utilizadas nas buscas de publicações (artigos, e-books, guias), com os termos fixos “bioinformática” ou “bioinformatics”, junto com outras palavras-chave, em português e inglês, com combinações diferentes entre elas, como por exemplo: “genética”, “biologia molecular”, “biodiversidade”, “DNA”, “RNA”, “proteínas”, “mutações”, “filogenia”, “evolução”, “ensino”, “ensino médio”, “educação”, “aulas”, entre outras. Em seguida, os trabalhos encontrados foram analisados quanto à sua aplicabilidade e foram relacionados às habilidades da BNCC e aos objetivos do Documento Curricular de Goiás, analisando o seu potencial uso na introdução da bioinformática e suas ferramentas em sala de aula para alunos do Ensino Médio.

Os artigos foram classificados em básicos, intermediários e avançados, conforme a Tabela 1, e foram organizados quanto às possíveis aplicações nas séries de 1º ano a 3º ano do Ensino Médio conforme o Documento Curricular do Estado de Goiás.

Tabela 1. Critérios para classificação dos artigos e trabalhos com bioinformática para o Ensino Médio.

Nível	Critérios
Básico	Não precisa de experiência com os programas e pode ser utilizado como atividade introdutória com a bioinformática e os temas são mais simples e comuns ao Ensino Médio.
Intermediário	Requer um primeiro contato com as ferramentas de bioinformática e os temas são mais complexos que as atividades básicas e não são comuns ao Ensino Médio.
Avançado	Requer prática e experiência com os programas e os temas são mais complexos.

Fonte: elaborada pelos autores.

Neste trabalho, consideramos como ferramentas da bioinformática os softwares de computadores que precisam ser instalados nos computadores e aqueles que podem ser acessados via web, ou seja,

sem instalação e que realizam a análise no próprio site em servidores; aplicações das linguagens de programação perl, python, biophyton e R que lidam com dados biológicos; e os bancos de dados que pos-

suas informações biológicas depositada, tais como sequências de DNA, RNA, aminoácidos, proteínas, genomas e transcriptomas.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

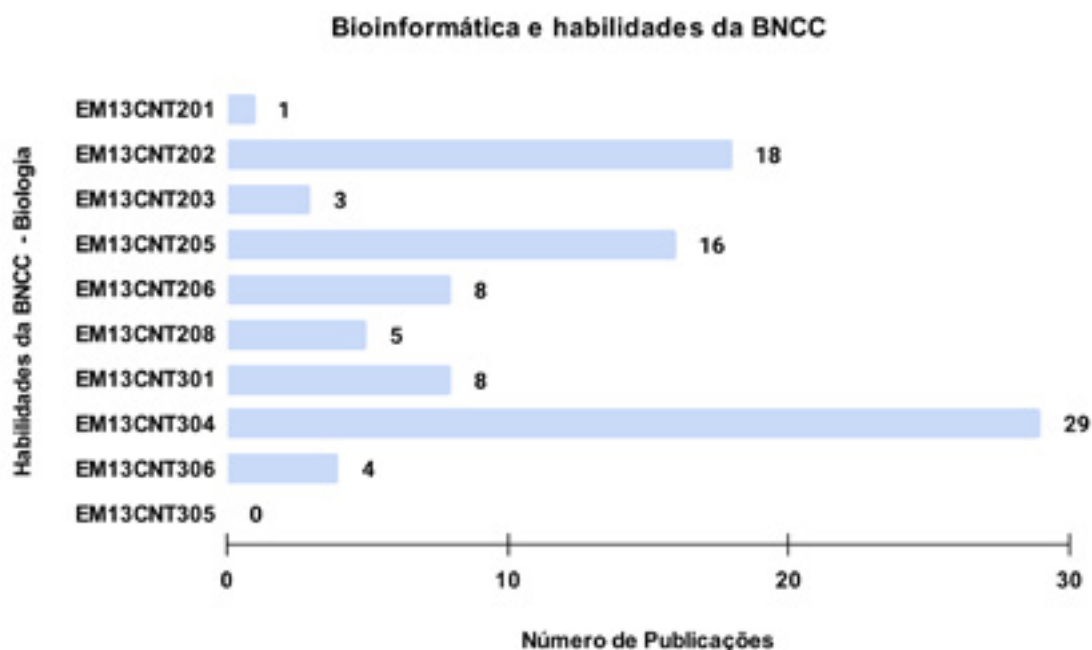
Na análise das competências e habilidades com potencial para utilizar as ferramentas e conceitos da bioinformática para o ensino de biologia, foram selecionadas 10 habilidades da BNCC, 23 objetivos de aprendizagem do currículo do estado de Goiás que estão agrupados em duas competências gerais das Ciências da Natureza e suas Tecnologias do Ensino Médio (Material Suplementar - Tabela 2).

Foram selecionadas um total de 40 publicações (Material Suplementar - Tabela 3). Entre essas, cinco são artigos que desenvolvem atividades sem a necessidade de uso do computador, mas que precisam de material impresso (MIRANDA; JUNIOR; COLLEVATTI, 2014; JENSEN, 2017; NUNES *et*

al., 2020; MARTINS; ZANOTTI; SOLÉ-CAVA, 2022; SANTOS *et al.*, 2022) e um que é necessário o uso do celular (NUNES *et al.*, 2020) (Material Suplementar - Tabela 3). Os artigos foram classificados em relação à sua complexidade como: 21 básicos, 10 intermediários e 9 avançados.

A maioria das atividades desenvolvidas nos artigos pode agrupar mais de uma habilidade/objetivo, por envolver temáticas que estão relacionadas e se complementam, como em MAIER (2001) que descreve um estudo com ursos que envolve conhecimentos sobre animais e classificação dos seres vivos, processo evolutivo, DNA mitocondrial e interpretação e análise dos resultados (Material Suplementar - Tabela 3). Além disso, devido à flexibilidade das várias atividades que se enquadram nas habilidades e objetivos, a maioria pode ser aplicada em mais de um ano do ensino médio, conforme desenvolvimento das aulas e escolha do professor (Material Suplementar - Tabela 3).

Figura 1 – Gráfico quantitativo de publicações por habilidades da BNCC que enquadram como base para os estudos da bioinformática no ensino médio.



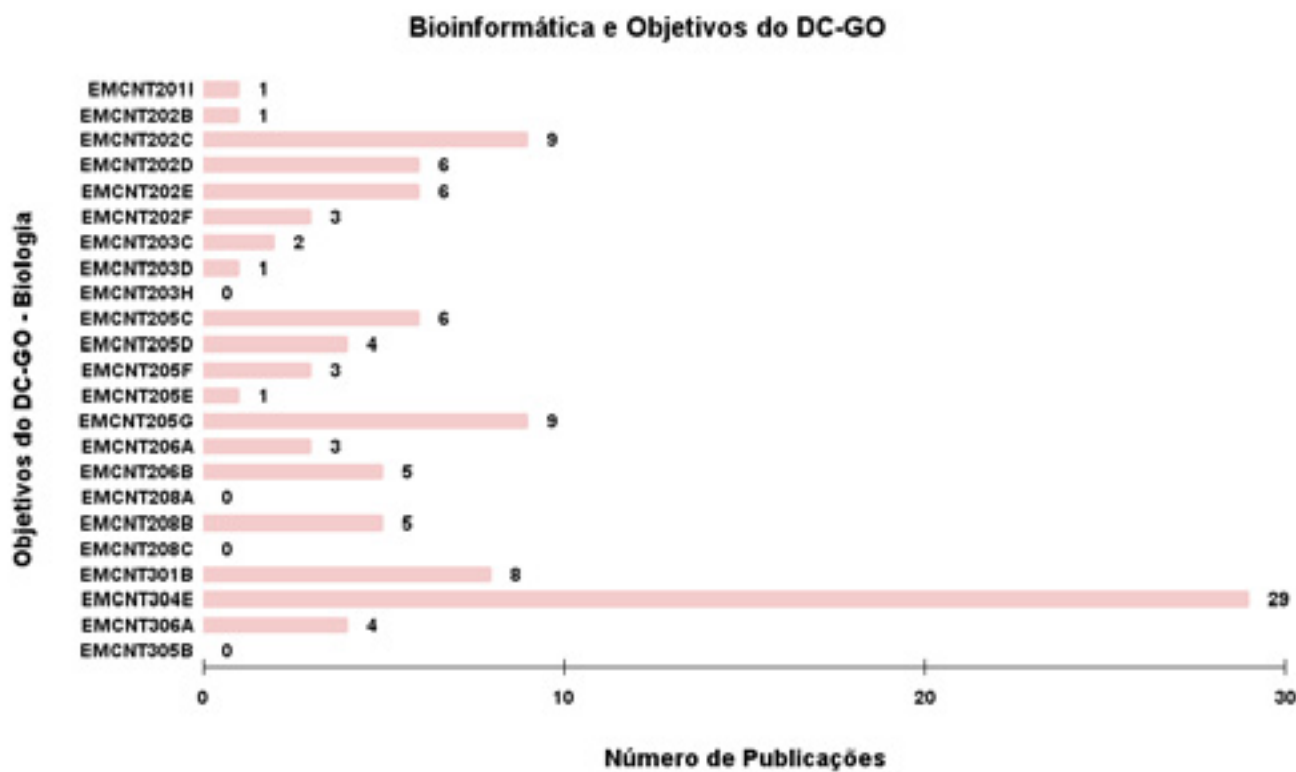
Fonte: elaborada pelos autores

A habilidade **EM13CNT304** foi a mais abordada nos trabalhos analisados (29 publicações) (Figura 1 e Material Suplementar - Tabela 3), destacando o uso da bioinformática em tecnologias relacionadas ao estudo de DNA e proteínas. Exemplos incluem simulações para o uso de peptídeos como inibidores de doenças, com foco no desenvolvimento de medicamentos (KHAN *et al.*, 2022; ANDRADE *et al.*, 2023), estudos voltados para o câncer (TAYLOR *et al.*, 2021; BENVENUTI e TOMASI, 2023) e a identificação de espécies consumidas pela população, promovendo controle alimentar (MARTINS, ZANOTTI e SOLÉ-CAVA, 2022).

A habilidade **EM13CNT202** foi a segunda mais abordada, com 18 trabalhos analisados (Figura 1 e

Material Suplementar - Tabela 3). Essa habilidade está relacionada à diversidade dos seres vivos e aos níveis de organização da vida, abrangendo desde moléculas de DNA até ecossistemas. Exemplos de aplicações incluem a construção de filogenias, que permitem comparar semelhanças genéticas, mutações e relações de parentesco por meio de ferramentas de bioinformática (MAIER, 2001; ABREU *et al.*, 2023). A expressiva quantidade de artigos nessa área evidencia o papel central da bioinformática no monitoramento e na preservação da biodiversidade, contribuindo para análises ecológicas e para o planejamento de estratégias de conservação (MIRANDA; JUNIOR; COLLEVATTI, 2014; DINIZ FILHO; SOARES; TELLES, 2016).

Figura 2 – Gráfico quantitativo de publicações por habilidades da BNCC que enquadram como base para os estudos da bioinformática no ensino médio.



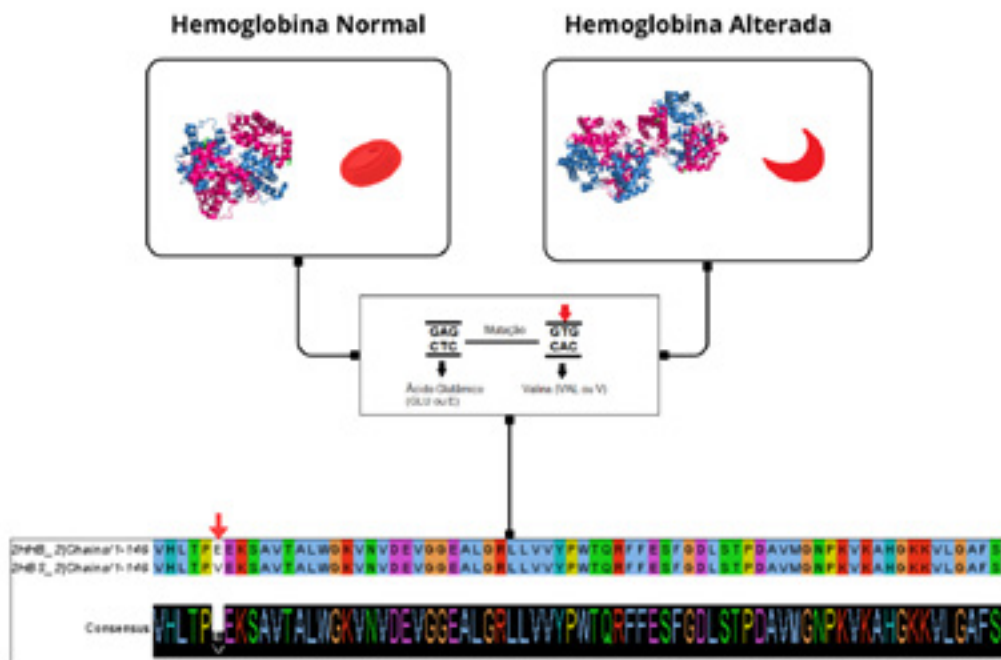
Fonte: elaborada pelos autores

Os objetivos **EMCNT202C** e **EMCNT205G** foram os mais abordados, com nove trabalhos cada (Figura 2). O objetivo **EMCNT202C** está relacionado à evolução, e os estudos identificados incluem a construção de filogenias (Material Suplementar - Tabela 3) (MCCULLOUGH *et al.*, 2020; ABREU *et al.*, 2023). Essas filogenias auxiliam na classificação e organização de grupos de espécies, muitas vezes alvo de debates científicos, para compreender processos evolutivos por meio do uso de genes específicos ou de genomas completos (ZUNTINI *et al.*, 2024). Diversas regiões gênicas podem ser empregadas na construção de árvores, como as codificadoras de RNA ribossômico, *rbcL* (DNA cloroplastidial), hemoglobina, histonas e COI (DNA mitocondrial)

(BOKOR; LANDIS; CRIPPEN, 2014; ERÍN-LÓPES, 2013; SOUZA *et al.*, 2015; MCCULLOUGH *et al.*, 2020; ABREU *et al.*, 2023).

Por outro lado, o objetivo **EMCNT205G** aborda o estudo de doenças genéticas causadas por mutações, tema presente nos trabalhos de BEDNARSKI; ELGIN; PARKRASI (2005), BURGIN *et al.* (2018) e SANTOS *et al.* (2022). As mutações, quando ocorrem no nível do DNA, podem ou não levar a alterações nas proteínas; essas alterações podem ser visualizadas por meio de alinhamentos entre sequências de diferentes indivíduos, como na Figura 3, que apresenta um alinhamento dos aminoácidos da hemoglobina beta normal e da hemoglobina beta falciforme.

Figura 2 – Comparação entre hemoglobina normal (Hb) e hemoglobina S humana ou hemoglobina falciforme (HbS) alterada pela mutação no códon 6 (Glu > Val). Estrutura tridimensional da Hb obtida do banco de dados PDB com código 2HHB e da HbS com código 2HBS em cadeias alfa azuis e cadeias beta rosas e visualizada com PyMOL. As setas vermelhas representam o local da mutação no códon do DNA e o alinhamento de aminoácidos mostra a mudança de ácido glutâmico (2HHB) para valina (2HBS).



Fonte: elaborada pelos autores

Na bioinformática, a construção de árvores filogenéticas envolve etapas relativamente simples que permitem estudos evolutivos e comparações entre espécies. Esse processo exige o alinhamento de sequências seguido pela montagem da árvore filogenética, utilizando tanto sequências de DNA quanto de proteínas. Além disso, muitas análises de doenças genéticas começam pela identificação de genes com alterações, os quais são comparados a sequências normais por meio de alinhamentos. Dessa forma, atividades baseadas em alinhamentos e filogenias podem contribuir diretamente para o desenvolvimento dos objetivos **EMCNT202C** e **EMCNT205G**, que abordam temas amplamente trabalhados em sala de aula, facilitando sua aplicação em diversos trabalhos relacionados à evolução biológica e ao estudo de mutações genéticas.

O objetivo **EMCNT304E** abrange uma ampla variedade de trabalhos (29 no total), relacionados ao estudo da biologia molecular do DNA, à produção de proteínas e às diversas técnicas e métodos empregados para investigar esses processos. Por exemplo, é possível utilizar ferramentas de bioinformática para a predição de proteínas, identificando os códons de início e término de transcrição (CASTRO *et al.*, 2020). Além disso, esse objetivo inclui o estudo preditivo da estrutura tridimensional de proteínas (SUN *et al.*, 2019; CASTRO *et al.*, 2020) e a análise de sequências de DNA enigmáticas, ainda não caracterizadas, por meio da comparação com sequências de DNA, transcritos e proteínas disponíveis em bancos de dados (ANTUNES; CRUZ; TELLES, 2014).

Uma habilidade e quatro objetos de aprendizagem selecionados na primeira etapa não combinaram com as temáticas dos trabalhos encontrados, mas há possibilidade de desenvolver atividades que podem usar a bioinformática para aprofundar esses assuntos: GO-EMCNT203H; GO-EMCN-

T208A; GO-EMCNT208C; GO-EMCNT305B (Figura 1 e 2).

Os artigos empregaram uma variedade de ferramentas essenciais para análises bioinformáticas, abrangendo desde a obtenção de sequências até a inferência funcional e estrutural de proteínas. Entre as ferramentas mais usadas estão o BLAST, MEGA, Uniprot, Protein Data Bank (PDB), PyMOL, Swiss-Model, ORFfinder, ClustalW, NCBI e Genbank.

Ferramentas como NCBI, GenBank, UniProt e PDB foram usadas para acesso e recuperação de sequências de ácidos nucleicos e proteínas em bancos de dados públicos. Os programas ClustalW e MEGA desempenharam papel central nos alinhamentos múltiplos de nucleotídeos ou aminoácidos, etapa essencial para investigar polimorfismos, mutações, deleções e inserções, além de serem um passo prévio obrigatório à construção de árvores filogenéticas (realizadas principalmente no MEGA).

O BLAST e o BOLD Systems foram empregados para identificação de espécies com base em sequências de DNA, enquanto o ORFfinder foi utilizado para a identificação de quadros de leitura abertos (ORFs), etapa importante na anotação funcional de genes. Para análises estruturais, ferramentas como Swiss-Model e PyMOL foram amplamente aplicadas na modelagem e visualização tridimensional de proteínas, permitindo a investigação da relação entre estrutura e função.

Embora algumas plataformas anteriormente populares, como Biology Workbench, estejam atualmente indisponíveis, e outras, como Blast2GO, sejam pagas, existem alternativas gratuitas que desempenham funções equivalentes, mantendo a acessibilidade dessas análises no contexto educacional e científico.

Os avanços nos métodos de amostragem de dados em grande escala, como sequenciamento de DNA de alto rendimento, proteômica, caracteriza-

ção metabolômica de amostras biológicas complexas, resultaram no crescimento da quantidade de dados biológicos disponíveis e nas mudanças rápidas na forma como a informação biológica é usada (KOVARIK *et al.*, 2013). A disponibilidade desses dados desenvolvidos de forma colaborativa e acessíveis ao público oferece uma oportunidade para transformar a forma como os alunos aprendem ciências (DONOVAN, 2008).

Em MARTINS *et al.* (2020), a participação dos alunos na atividade de bioinformática, além de sugerir um enriquecimento da caixa de ferramentas científicas dos alunos e o desenvolvimento de competências, mostrou estreitar a distância entre a realidade escolar dos alunos e as práticas de investigação comuns utilizadas hoje em dia. O fracasso em mudar o estado atual na educação científica pode levar a uma divergência ainda maior entre a prática científica e a educação, então é importante investir no desenvolvimento da infraestrutura humana necessária para concretizar estas novas abordagens à prática científica (DONOVAN, 2008).

A integração de atividades de bioinformática ao currículo pode facilitar sua aplicação no cotidiano da sala de aula, tornando o aprendizado mais significativo e contextualizado (FORM; LEWITTER, 2011; RGSBY; PAKER, 2016). Um exemplo clássico é a análise da estrutura da hemoglobina, que pode ser articulada com conteúdos de sistema circulatório, genética e bioquímica de proteínas e aminoácidos. A anemia falciforme ilustra bem esse potencial didático: trata-se de uma doença hereditária causada pela substituição de um único nucleotídeo no gene da hemoglobina, resultando na troca do segundo nucleotídeo do códon que codifica o aminoácido ácido glutâmico. Essa mutação leva à formação de uma hemoglobina estruturalmente alterada, o que pode ser explorado em sala por meio da comparação de estruturas 3D entre a proteína normal e a mutante,

bem como pelo alinhamento de sequências primárias (Figura 3). Outra possibilidade é a construção de árvores filogenéticas utilizando sequências do gene da hemoglobina de diferentes espécies, permitindo discutir suas relações evolutivas e explorar conceitos de biologia molecular, genética evolutiva e sistemática (RIBEIRO JUNIOR; OLIVEIRA; CECCATTO, 2012; McCULLOUGH *et al.*, 2020).

Em MARTINS *et al.* (2020) investigaram o uso de uma atividade baseada em bioinformática (MARTINS *et al.*, 2018) com um grupo de estudantes do ensino médio em Portugal, e os resultados mostraram uma melhoria do conhecimento dos alunos em conceitos como gene, síntese proteica, ácido nucleico (DNA, RNA), códons de início e parada, genoma, relações evolutivas e genômica comparativa após a participação dos alunos.

O estudo de bioinformática pode ser um recurso para envolver os alunos e promover uma compreensão mais profunda dos conceitos de biologia.

É importante destacar que algumas das atividades não aprofundam em detalhes os temas propostos e são direcionadas ao uso das ferramentas com foco no passo a passo, então é importante que o professor relacione a teoria e a prática necessária para o uso das ferramentas com as habilidades e objetivos a serem desenvolvidos em cada aula. Assim, a formação, atualização e o desenvolvimento de práticas e habilidades junto aos professores também são essenciais. Em BURGIN *et al.* (2018) os professores relataram dificuldades pela falta de experiência com os programas e incapacidade de empregar todo seu potencial devido a não conseguirem usar todas as funções dos programas.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

A bioinformática como recurso para o ensino da biologia mostra ser uma oportunidade para o de-

envolvimento dos conceitos e fenômenos biológicos, além de introduzir ferramentas tecnológicas utilizadas por cientistas e formar suas próprias hipóteses e testá-las. No entanto, muitos conceitos empregados na bioinformática têm caráter interdisciplinar, incluindo noções fundamentais de informática que são importantes para os professores compreenderem. Por exemplo, arquivos de entrada contendo sequências de DNA ou de aminoácidos devem estar em um formato padronizado, geralmente com extensão .fasta,

para serem utilizados em servidores web ou programas de análise (ex.: BARKER *et al.*, 2019). Já para a visualização de estruturas tridimensionais de proteínas em softwares como PyMOL, é necessário utilizar arquivos no formato .pdb, provenientes do Protein Data Bank (PDB). Portanto, para a integração da bioinformática como recurso didático, é importante realizar formações e atualização com os professores para que eles possam também familiarizar-se com os programas e com os formatos dos arquivos.

MATERIAL SUPLEMENTAR:

Tabelas 2 e 3 estão disponíveis em <https://doi.org/10.5281/zenodo.17772125>.

REFERÊNCIAS

ABREU, F. P. de *et al.* **A Bioinformática como ferramenta para o ensino da Sistemática Filogenética.** In: DANI, J. G.; COUTINHO, T.; ÁVILA E SILVA, S. (Orgs.). *Ciência na escola: práticas de bioinformática para o ensino médio.* Caxias do Sul, RS: Educs, 2023. Disponível em: <<https://www.ucs.br/educs/livro/ciencia-na-escola-praticas-de-bioinformatica-para-o-ensino-medio-4141/>>. Acesso em: 04/12/2023.

ANTONELLI, A.C.B. *et al.* **In silico construction of a multiepitope Zika virus vaccine using immunoinformatics tools.** *Sci Rep.* Jan 7;12(1):53, 2022.

AMENKHIENAN, E.; SMITH, E.J. A web-based genetic polymorphism learning approach for high school students and science teachers. *Biochem Mol Biol Educ.* Jan;34(1):30-3, 2006.

ANDRADE, A.A.; *et al.* **Uso de ferramentas computacionais para o desenvolvimento de vacinas baseado em proteínas.** In: DANI, J. G.; COUTINHO, T.; ÁVILA E SILVA, S. (Orgs.). *Ciência na escola: práticas de bioinformática para o ensino médio [recurso eletrônico].* Caxias do Sul, RS: Educs, 2023. Disponível em: <<https://www.ucs.br/educs/livro/ciencia-na-escola-praticas-de-bioinformatica-para-o-ensino-medio-4141/>>. Acesso em: 04/12/2023.

ANTUNES, A.M.; CRUZ, L.K.S.; TELLES, M.P.C. Como desvendar enigmas genéticos a partir da comparação de sequências. *Genética na Escola*, v. 9, n. 2, 2014.

BARKER, D, *et al.* Bioinformatics: the power of computers in biology – a practical guide. *F1000Research*, 8, 813, 2019 (doi: 10.7490/f1000research.1116842.1).

BAIN, S. A.; BARKER, D.; ATTWOOD, T. K. Bioinformatics: food detective – a practical guide. ***F1000Research***, 9, 628, 2020. (doi: 10.7490/f1000research.1118007.1).

BEDNARSKI, A.E.; ELGIN, S.C.; PAKRASI, H.B. An inquiry into protein structure and genetic disease: introducing undergraduates to bioinformatics in a large introductory course. ***Cell Biol Educ.*** Fall;4(3):207-20, 2005.

BENVENUTI, J. L.; TOMASI, N. A. **Câncer: aplicações da Bioinformática no entendimento dos tumores.** In: Dani, J. G.; Coutinho, T.; Ávila e Silva, S. (Orgs.). *Ciência na escola: práticas de bioinformática para o ensino médio* [recurso eletrônico]. Caxias do Sul, RS: Educus, 2023. Disponível em: <<https://www.ucs.br/educus/livro/ciencia-na-escola-praticas-de-bioinformatica-para-o-ensino-medio-4141/>>. Acesso em: 04/12/2023.

BOKOR, J.R.; LANDIS, J.B.; CRIPPEN, K. J. High School Students' Learning and Perceptions of Phylogenetics of Flowering Plants. *CBE—Life Sciences Education* Vol. 13, No. 4, 2014.

BRASIL. Ministério da Educação. **Base Nacional Comum Curricular (BNCC): Educação Ensino Médio.** Brasília, 2018.

BURGIN, S.R. *et al.* High school biology students use of visual molecular dynamics as an authentic tool for learning about modeling as a professional scientific practice. ***Biochem Mol Biol Educ.*** May;46(3):230-236, 2018.

CASTRO, J.A. *et al.* Bioinformática como objeto de aprendizagem digital (OAD) para o ensino da biologia molecular. Governador Mangabeira/BA: **Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Baiano - Campus Governador Mangabeira**, 2020. Disponível em: <https://www.ifbaiano.edu.br/unidades/gmb/files/2020/06/IF-Baiano-GMB_Boletim-T%C3%A9cnico-N%C2%BA-I-Ano-01_ISBN-9786587749099.pdf>. Acesso em: 11/06/2023.

CRUZ, L. K. S. da; ANTUNES, A. M.; TELLES, M.P. de C. Procurando agulha no palheiro: predição de genes a partir de sequências genômicas. ***Genética Na Escola***, 11(1), 36–45, 2016. <https://doi.org/10.55838/1980-3540.ge.2016.226>

DA SILVA, M.A.F. *et al.* Uso da bioinformática como ferramenta de ensino em Biologia. **Seven Editora**, 2023. <https://doi.org/10.56238/sevedi76016v22023-080>.

DAYHOFF, M.O.; LEDLEY, R.S. Comprotein: a computer program to aid primary protein structure determination. In: *Proceedings of the December 4-6, 1962, Fall Joint Computer Conference*. New York, NY: ACM, 1962, 262–74.

DEAMER, D.; AKESON, M.; BRANTON, D. Three decades of nanopore sequencing. ***Nat Biotechnol*** 34, 518–524, 2016. <https://doi.org/10.1038/nbt.3423>.

DINIZ FILHO, J.A.F.; SOARES, T. N.; TELLES, M. P. de C. Estabelecendo populações prioritárias para a conservação da variabilidade genética. ***Genética na Escola***, 11(2), 158–169, 2016.

SECRETARIA ESTADUAL DE EDUCAÇÃO DE GOIÁS. **Documento Curricular para Goiás** - Etapa Ensino Médio - Bimestralização, 2023.

DONOVAN, S. Big data: teaching must evolve to keep up with advances. **Nature**, v. 455 pg. 461. 2008.

EIRÍN-LOPES, J.M. A computer lab exploring evolutionary aspects of chromatin structure and dynamics for an undergraduate chromatin course. **Biochem Mol Biol Educ**. Mar-Apr;41(2):95-102, 2013.

FORM D.; LEWITTER, F. Ten Simple Rules for Teaching Bioinformatics at the High School Level. **PLoS Comput Biol**, 2011, 7(10). <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1002243>.

GAUTHIER, J. *et al.* A brief history of bioinformatics. **Brief Bioinform**. Nov 27;20(6):1981-1996, 2019.

GODSE, S.; SAPAR, T; AMACHER, J.F. An idea to explore: Engaging high school students in structure-function studies of bacterial sortase enzymes and inhibitors - A comprehensive computational experimental pipeline. **Biochem. Mol. Biol. Educ**. Nov-Dec;51(6):606-615, 2023.

HAGEN, J. The origins of bioinformatics. **Nat Rev Genet**, 1, 231–236, 2000. <https://doi.org/10.1038/35042090>.

HASAN, N. *et al.* Recent advancements in molecular marker-assisted selection and applications in plant breeding programmes, *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*, Volume 19, Issue 1, 2021.

HEBERT, P.D, *et al.* Biological identifications through DNA barcodes. *Proc Biol Sci*. Feb 7;270(1512):313-21, 2003. doi: 10.1098/rspb.2002.2218.

INLOW, J.K.; MILLER, P.; PITTMAN, B. Introductory bioinformatics exercises utilizing hemoglobin and chymotrypsin to reinforce the protein sequence-structure-function relationship. **Biochem Mol Biol Educ**. Mar;35(2):119-24, 2007.

International Human Genome Sequencing Consortium. Initial sequencing and analysis of the human genome. *Nature* 409, 860–921, 2001. <https://doi.org/10.1038/35057062>.

JENSEN, P.A. Hands-On Assembly of DNA Sequencing Reads as a Gateway to Bioinformatics. **J Microbiol Biol Educ**. Jun 9;18(2):18.2.34, 2017.

LANER BLAUTH, M.; ROMANO SANTIN, M. H.; MARTINS DOS SANTOS, R. Uso de ferramentas online no estudo de mutações. **Genética Na Escola**, 18(1), 59–79, 2023. <https://doi.org/10.55838/1980-3540.ge.2023.476>.

LESK, A.M. Introdução à Bioinformática. 2ª Ed. Porto Alegre: **Artmed**, 2008.

- LU, R. *et al.* Genomic characterisation and epidemiology of 2019 novel coronavirus: implications for virus origins and receptor binding. **The Lancet**, Volume 395, Issue 10224, 2020.
- KERFELD, C.A.; SCOTT, K.M. Using BLAST to teach “E-value-tionary” concepts. *PLoS MachlufS Biol.* Feb 1;9(2), 2011.
- KHAN, A.T. *et al.* A student led computational screening of peptide inhibitors against main protease of SARS-CoV-2. **Biochem Mol Biol Educ.** Jan;50(1):7-20, 2022.
- KOVARIK, D.N. *et al.* Bioinformatics education in high school: implications for promoting science, technology, engineering, and mathematics careers. **CBE Life Sci Educ.** 2013 Fall;12(3):441-59. doi: 10.1187/cbe.12-11-0193. PMID: 24006393; PMCID: PMC3763012.
- KUMAR S. *et al.* MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across Computing Platforms. **Mol Biol Evol.** Jun 1;35(6):1547-1549, 2018.
- MACHLUF, Y. *et al.* Making authentic science accessible—the benefits and challenges of integrating bioinformatics into a high-school science curriculum. **Briefings in Bioinformatics**, Volume 18, Issue 1, January 2017, Pages 145–159, <https://doi.org/10.1093/bib/bbv113>.
- MAIER, C. A. Building Phylogenetic Trees from DNA Sequence Data: Investigating Polar Bear and Giant Panda Ancestry. **The American Biology Teacher**, v. 63, n. 9, 2001. <https://doi.org/10.2307/4451210>.
- MARIANO, D. *et al.* Introducing Programming Skills for Life Science Students. **Biochemistry and Molecular Biology Education.** V. 47, n.3, 2019.
- MARTINS, A.; FONSECA, M. J.; TAVARES, F. Mining the genome: using bioinformatics tools in the classroom to support student discovery of genes. **Am. Biol. Teach.** 80, 619–624, 2018.
- MARTINS, A. *et al.* Bioinformatics-Based Activities in High School: FNiepielkoostering Students’ Literacy, Interest, and Attitudes on Gene Regulation, Genomics, and Evolution. **Front Microbiol**, v. 11, 2020.
- MARTINS, C.B.C.; ZANOTTI, I.; SOLÉ-CAVA, A.M. Que bacalhau é esse? Uma abordagem lúdica introdutória para a aplicação prática de sequências de DNA em sala de aula. **Genética na Escola**, v. 17, n. 2, 2022.
- MCCULLOUGH, E.L. *et al.* Exploratory Activities for Understanding Evolutionary Relationships Depicted by Phylogenetic Trees: United but Diverse. **Am Biol Teach.** May 1;82(5):333-337, 2020.

MENDES, A.C.O. *et al.* OLATCG: ferramenta de bioinformática para o ensino de genética no ensino médio. **Revista REAMEC - Rede Amazônia de Educação de Ciência e Matemática**, v.10, 2022. Disponível em: <<https://periodicoscientificos.ufmt.br/ojs/index.php/reamec/article/view/13954/11496>> Acesso em:11/06/2023.

MINH, B.Q.; Schmidt, H.A; Chernomor, O.; Schermpf, D.; Woodhams, M.D. IQ-TREE 2: New models and efficient methods for phylogenetic inference in the genomic era. **Mol. Biol. Evol.**, 2020.

MIRANDA, N.E. de O.; JÚNIOR, E.B. de A.; COLLEVATTI, R.G. A genética contra os crimes ambientais: identificação de madeira ilegal provenientes de unidades de conservação utilizando marcador molecular. **Genética Na Escola**, 9(2), 124–135, 2014. <https://doi.org/10.55838/1980-3540.ge.2014.183>.

NIEPIELKO, M.G.; SHUMSKAYA, M. Early. Requirement for Bioinformatics in Undergraduate Biology Curricula. **Front Bioinform.** 2021.

NUNES, R. *et al.* Learning nucleic acids solving by bioinformatics problems. **Biochem Mol Biol Educ.** Sep-Oct;43(5):377-83, 2015.

NUNES, R. *et al.* BarcodingGO: A problem-based approach to teach concepts related to environmental-DNA and bioinformatics. **Biochem Mol Biol Educ.** 2021; 49: 210– 215. <https://doi.org/10.1002/bmb.21424>.

NURK, S. *et al.* A sequência completa de um genoma humano. *Science* 376, 44-53 (2022) DOI: 10.1126/science. abj6987.

OAKLEY, M.B.; KIMBALL, G.E. Punched card calculation of resonance energies. *J Chem Phys* 1949; 17:706–17.

OLIVEIRA, P.R.O.O.; BERNARDES, V.; NUNES, R.; DIAS, R. de O. (2025). Material Suplementar - Tabelas 2 e 3. **Zenodo**. <https://doi.org/10.5281/zenodo.17772125>.

RATNASINGHAM, S.; HEBERT, P.D. BOLD: The Barcode of Life Data System (<http://www.barcodinglife.org>). *Mol Ecol Notes*. May 1;7(3):355-364, 2007. doi: 10.1111/j.1471-8286.2007.01678. x.

RIBEIRO JUNIOR, H. L.; OLIVEIRA, R. T. G. de; CECCATTO, V. M. Bioinformática como recurso pedagógico para o curso de ciências biológicas na Universidade Estadual do Ceará - UECE - Fortaleza, Estado do Ceará. **Acta Scientiarum.** Education, Maringá, v. 34, n. 01, 2012.

RIGSBY, R.E.; PARKER, A.B. Using the PyMOL application to reinforce visual understanding of protein structure. **Biochem Mol Biol Educ.** Sep 10;44(5):433-7, 2016.

RIVAS, J. L.; BONAVIDES-MARTÍNEZ, C.; CAMPOS-LABORIE, F. Bioinformatics in Latin America and SoIBio impact, a tale of spin-off and expansion around genomes and protein structures. **Briefings in Bioinformatics**, Vol 20, Edição 2, março de 2019, páginas 390–397, <https://doi.org/10.1093/bib/bbx064>.

SANGER, F., *et al.* Sequência de nucleotídeos do DNA do bacteriófago ϕ X174. *Nature* 265, 687–695 (1977). <https://doi.org/10.1038/265687a0>

SANTOS, R.A.C.S. *et al.* Identificando variantes de DNA utilizando conceitos do pensamento computacional no ensino médio. *Genética na Escola*, v. 17, n. 2, 2022.

SOUSA, M.A.N. *et al.* Bioinformática como uma ferramenta didática para o ensino da Genética. **BIOINFO**. ISSN: 2764-8273. Vol. 3. p.14, 2023. doi: 10.51780/bioinfo-03-14.

SOUZA, C.P.A. *et al.* Código de Barras de DNA: uma atividade para entender a identificação de espécies. **Genética na Escola**, vol. 10, n. 1, 2015.

SOUZA, M.L. *et al.* Germinar ou não germinar? Eis o efeito da poluição. In: DANI, J. G.; COUTINHO, T.; ÁVILA E SILVA, S. (Orgs.). *Ciência na escola: práticas de bioinformática para o ensino médio* [recurso eletrônico]. Caxias do Sul, RS: Educs, 2023. Disponível em: <<https://www.ucs.br/educs/livro/ciencia-na-escola-praticas-de-bioinformatica-para-o-ensino-medio-4141/>>. Acesso em: 04/12/2023.

STAMATAKIS, A. RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics*. 2014 May 1;30(9):1312-3. doi: 10.1093/bioinformatics/btu033. Epub 2014 Jan 21. PMID: 24451623; PMCID: PMC3998144.

STEEL, J.J. Genome Analysis of SARS-CoV-2 Case Study: An Undergraduate Online Learning Activity to Introduce Bioinformatics, BLAST, and the Power of Genome Databases. **J Microbiol Biol Educ**. Mar 15;22(1):22.1.16, 2021.

SU, Y. *et al.* Colon cancer diagnosis and staging classification based on machine learning and bioinformatics analysis. **Computers in Biology and Medicine**, Volume 145, 2022.

SUN, J.Z. *et al.* Predicting and Visualizing 5S rRNA Structures Using Bioinformatics Tools To Help Students Learn RNA Structure and Function While Gaining Computer Research Skills. **J. Chem. Educ.** v. 96, n. 11, 2019.

TAYLOR, M.D. *et al.* Online Tools for Teaching Cancer Bioinformatics. **J Microbiol Biol Educ**. 2021 Aug 31;22(2), 2021.

ZUNTINI, A.R., *et al.* Phylogenomics and the rise of the angiosperms. **Nature**. 629, 843–850, 2024. <https://doi.org/10.1038/s41586-024-07324-0>