



UNIVERSIDADE ESTADUAL DO CEARÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS DA SAÚDE
MESTRADO PROFISSIONAL EM ENSINO DE BIOLOGIA

WADSON ALAN DE MELO E FROTA

**TRADUÇÃO PROTEICA: CONTRIBUIÇÕES DE UM MODELO DIDÁTICO PARA
FIXAÇÃO DE CONTEÚDOS EM BIOLOGIA MOLECULAR**

FORTALEZA - CEARÁ

2019

WADSON ALAN DE MELO E FROTA

**TRADUÇÃO PROTEICA: CONTRIBUIÇÕES DE UM MODELO DIDÁTICO PARA
FIXAÇÃO DE CONTEÚDOS EM BIOLOGIA MOLECULAR**

Trabalho de Conclusão de Mestrado - TCM
apresentado ao Mestrado Profissional em
Ensino de Biologia em Rede Nacional -
PROFBIO, do Centro de Ciências da Saúde da
Universidade Estadual do Ceará, como
requisito parcial para obtenção do título de
Mestre em Ensino de Biologia.

Área de concentração: Ensino de Biologia

Orientadora: Dr.^a Vânia Marilande Ceccatto.

Coorientadora: Dr.^a Christina Pacheco Santos
Martin.

FORTALEZA - CEARÁ

2019

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação

Universidade Estadual do Ceará

Sistema de Bibliotecas

Frota, Wadson Alan de Melo e.

Tradução proteica: contribuições de um modelo didático para fixação de conteúdos em biologia molecular [recurso eletrônico] / Wadson Alan de Melo e Frota. - 2019.

1 CD-ROM: il.; 4 ¼ pol.

CD-ROM contendo o arquivo no formato PDF do trabalho acadêmico com 64 folhas, acondicionado em caixa de DVD Slim (19 x 14 cm x 7 mm).

Dissertação (mestrado profissional) - Universidade Estadual do Ceará, Centro de Ciências da Saúde, Mestrado Profissional em Ensino de Biologia, Fortaleza, 2019.

Área de concentração: Ensino de Biologia.

Orientação: Prof.^a Dra. Vânia Marilande Ceccatto.

Coorientação: Prof.^a Dra. Christina Pacheco Santos Martin.

1. Metodologia de ensino. 2. Material didático.
3. Ensino de genética. I. Título.

WADSON ALAN DE MELO E FROTA

**TRADUÇÃO PROTEICA: CONTRIBUIÇÕES DE UM MODELO DIDÁTICO PARA
FIXAÇÃO EM CONTEÚDOS DE BIOLOGIA MOLECULAR**

Trabalho de Conclusão de Mestrado - TCM
apresentado ao Mestrado Profissional em
Ensino de Biologia em Rede Nacional -
PROFBIO, do Centro de Ciências da Saúde da
Universidade Estadual do Ceará, como
requisito parcial para obtenção do título de
Mestre em Ensino de Biologia.

Aprovado em: 31 de julho de 2019.

BANCA EXAMINADORA



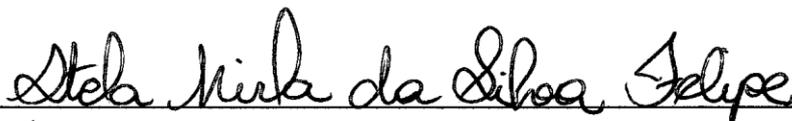
Prof.^a Dr.^a Vânia Marilande Ceccatto (Orientadora)

Universidade Estadual do Ceará – UECE



Educ. Fís. Dr. Igor Cabral Coutinho do Rêgo Monteiro

Universidade Federal do Rio de Janeiro – UFRJ



Prof.^a Dr.^a Stela Mirla da Silva Felipe

Universidade Estadual do Ceará – UECE

À minha família materna, em especial à minha
mãe, e aos meus filhos.

RELATO DO MESTRANDO

A minha participação no curso do PROFBIO consistiu em uma oportunidade ímpar e valiosa para meu processo de formação continuada como professor de biologia no ensino médio, uma vez que contribuiu abrindo perspectivas de um melhor fazer pedagógico em sala de aula. As experiências importantes que levarei na práxis cotidiana, daqui em diante, incluem uma preocupação em buscar a utilização de uma maior diversidade de metodologias de ensino, que contribuam com maiores chances de aprendizagem com os estudantes.

Foi interessante observar que, graças ao curso do PROFBIO, transitei de uma abordagem mais tradicionalista de aula predominantemente expositiva na minha prática docente, para o auto desafio de experimentar, em sala de aula, uma maior variedade de estratégias de ensino que contribuam para conquistar um maior interesse dos alunos e para favorecer mais a compreensão dos conceitos de biologia. Assim, foi interessante perceber que passei a incrementar meu repertório pessoal de metodologias para uso em sala de aula, de acordo com o planejamento escolar realizado. Foi possível observar, nessas ocasiões de uso de metodologias diferentes, uma maior participação dos alunos, um maior interesse pelos conteúdos envolvidos, uma facilitação à compreensão de temas considerados mais difíceis, o que foi sentido como didaticamente positivo ao longo do trabalho como professor após o início do curso de mestrado e as Aplicações de aula na escola onde leciono.

Diante disso, vale salientar, a busca por formas de ensinar biologia de uma maneira mais contextualizada e problematizadora de situações problemas que envolvam múltiplos conceitos, de biologia, ou outras áreas do conhecimento, foi mais internalizada, graças às vivências em aulas ao longo do curso do PROFBIO, como uma necessidade constante ao processo de ensino de biologia que almeja alcançar os objetivos de aprendizagem dos estudantes. Ao longo do curso, muitos foram os momentos de vivências, com os colegas da turma, de situações de elaboração de metodologias de ensino de biologia, que contribuíram para provocar nos mestrandos a inquietude da autorreflexão sobre a própria prática como docente, tão necessárias e importantes para a profissão.

Assim, considero minha trajetória pelo PROFBIO muito positiva para minha jornada como professor de biologia daqui em diante, em virtude de ter contribuído para melhorar minha autocrítica na busca constante por metodologias que sejam eficientes para atender à necessidade de alfabetização biológica dos estudantes.

AGRADECIMENTOS

Aos estudantes de ensino médio que dispuseram um tempo para contribuir com a construção desta investigação.

À Prof.^a Dr.^a Vânia Marilande Ceccatto, pelo processo de orientação, e à Prof.^a Dr.^a Christina Pacheco Santos Martin, pelas contribuições de coorientação.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), por seu apoio financeiro ao PROFBIO.

À Secretaria da Educação (SEDUC), pela concessão do afastamento parcial para cursar uma parte do curso de mestrado.

Aos colegas, também amigos, da primeira turma de mestrandos do PROFBIO-UECE, pela troca de experiências.

À minha família materna, pelo apoio na minha jornada acadêmica, desde o ensino fundamental.

À minha esposa e aos meus filhos, pela paciência.

Ao leitor, por se interessar nas reflexões aqui trazidas.

“Um aglomerado organizado de proteínas, carboidratos, lipídeos, ácidos nucleicos, sais minerais e água, com racionalidade e sentimentos, paixões e prazeres, sonhos e ideais; e que, depois de memórias e histórias, um dia vai sucumbir à entropia”

(Wadson Alan)

RESUMO

Diante da dificuldade de compreensão percebida em relação ao conteúdo de biologia molecular nas aulas de genética, o presente trabalho buscou investigar contribuições para o ensino e aprendizagem de um modelo didático sobre os processos de síntese proteica e mutação gênica. Essa proposta metodológica é conhecida por contribuir para a compreensão de assuntos complexos, uma vez que atua aliando modelos explicativos teóricos a manipulação de objetos concretos que podem facilitar a aprendizagem. O público-alvo foi composto de duas turmas de 3ª série do ensino médio regular numa escola pública estadual em Itapipoca-CE. Após as aulas teóricas de introdução conceitual em ambas, houve a etapa investigativa. Numa turma (*Padrão*), para simular o ensino tradicional, não houve uso do modelo didático, enquanto na outra (*Experimental*), a utilização do material ocorreu em maio de 2018. Para averiguar a eficácia da metodologia foi aplicado um questionário conceitual (*Teste*) em ambas as turmas. Na turma *Experimental*, além do *Teste*, houve questões avaliativas sobre o uso do modelo. Durante a aula lúdica, a turma foi organizada em equipes, cada uma recebeu um conjunto com peças de papel simulando os componentes moleculares do processo de tradução. O modelo continha moléculas diferentes de RNA mensageiro de modo que cada equipe produziu, ou uma proteína normal, ou um peptídeo com modificação, a partir dos quais aconteceu a problematização sobre síntese proteica e mutação gênica. Ao longo da aula, as equipes utilizaram o material conforme o esperado, embora tenham ocorrido dúvidas, resolvidas com orientação do professor. Os grupos identificaram satisfatoriamente as alterações em RNAm e proteínas mutantes. Com relação ao *Teste*, com oito perguntas conceituais, foram obtidos cinquenta e cinco questionários. Entre as duas turmas, pode-se notar que houve maior taxa de acerto na totalidade das perguntas conceituais do questionário na turma *Experimental*, em que 36,0% obtiveram a nota máxima, em comparação com 33,3% na turma *Padrão*. No questionário da turma *Experimental*, nas perguntas avaliativas sobre a aula lúdica, a maioria considerou que o uso do modelo teve contribuição positiva, também sua utilização na aula como tendo uma dificuldade moderada de manuseio, uma alta importância para auxiliar o aprendizado, e sendo uma atividade lúdica bastante divertida. O uso dessa metodologia se mostrou positiva, uma vez que estimulou o protagonismo dos alunos com sua aprendizagem, contribuindo com aspectos socioafetivos na aula, e favoreceu o processo de ensino devido o uso do modelo didático ter proporcionando momentos de discussão em sala, e ter ampliado repertório de estratégias de ensino ao docente.

Palavras-chave: Metodologia de ensino. Material didático. Ensino de genética.

ABSTRACT

Faced with the perceived difficulty of understanding molecular biology content in genetics classes, the present work sought to investigate contributions to the teaching-learning process of a didactic model on the protein synthesis process and genetic mutation. This methodological proposal is known to contribute to the understanding of complex subjects, since it works by uniting theoretical explanatory models to the manipulation of concrete objects that can facilitate learning. The target audience was composed of two classes from a regular public high school in Itapipoca-CE. After the theoretical lectures of concept introduction, there was the investigative stage. In one class (*Standard*), to simulate traditional teaching, there was no application of the didactic model, while in the other (*Experimental*), the use of the material occurred in May 2018. To ascertain the effectiveness of the methodology was applied a conceptual questionnaire (*Test*) in both classes. In the *Experimental* group, besides the *Test*, there were evaluative questions about the use of the model. During the ludic activity, the students were organized into teams, each one received a paper model simulating the molecular components of the translation process. The model contained different messenger RNA molecules so that each team produced either a normal protein or a modified peptide, from which the protein synthesis process and genetic mutation were discussed. Throughout the class, the teams used the material as expected, although there were doubts, solved with teacher guidance. The groups satisfactorily identified changes in RNA and mutant proteins. Regarding the *Test*, composed of eight conceptual questions, 55 questionnaires were obtained. Between the two groups, it could be noted that there was a higher accuracy rate of all conceptual questions in the questionnaire within the *Experimental* group, in which 36.0% obtained the highest scores, compared to 33.3% in the *Standard* group. In the questionnaire of the *Experimental* group, the majority considered that the model had a positive contribution, also its use in the classroom as having a moderate difficulty, a high importance to aid the learning, and being an entertaining activity. Overall, the use of this methodology had positive results, since it stimulated the students' protagonism with their learning, contributing with socio-affective aspects in the class, and favored the teaching process due to the use of the didactic model to provide moments of discussion in the classroom, as well as expanding the repertoire of education strategies to the teacher.

Keywords: Teaching methodology. Teaching material. Genetics teaching.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 – Dogma central da biologia molecular.....	18
Figura 2 – Representação esquemática de um ribossomo	19
Figura 3 – Fase final da síntese de proteínas.....	20
Figura 4 – Nome e abreviatura de três letras dos 20 aminoácidos componentes de proteínas	21
Figura 5 – Efeitos das mutações gênicas na estrutura da proteína.....	22
Figura 6 – Perfil etário da turma “B”	24
Figura 7 – Perfil etário da turma “C”	24
Figura 8 – Modelo didático matriz sobre tradução	29
Figura 9 – Comparação das 4 versões de moldes de RNAm do modelo didático	30
Figura 10 – Moldes de ribossomo do modelo didático	31
Figura 11 – Ribossomo do modelo didático, à esquerda, mostrando locais para recortar (setas) e, à direita, as subunidades após encaixadas	32
Figura 12 – Fitas de RNAm do modelo didático, com cerca de 55 cm de comprimento, após a colagem dos dois segmentos	33
Figura 13 – Representação aérea da sala de aula com as equipes (E1, E2, E3, E4 e E5) organizadas	33
Figura 14 – Livro didático (versão Manual do professor) exibindo as páginas 91 e 92... 	34
Figura 15 – Representação aérea da sala de aula após a distribuição das fitas de RNAm em cada equipe	35
Figura 16 – Sala de aula com a turma desenvolvendo a atividade com o modelo didático	37
Figura 17 – Utilização do modelo didático pelas equipes.....	37
Figura 18 – Utilização do modelo didático pelas equipes.....	38
Figura 19 – Utilização do modelo didático por uma das equipes.....	38
Figura 20 – Ilustração do grupo E1 da proteína, à direita, após a tradução, à esquerda	39
Figura 21 – Ilustração do grupo E4 da proteína, à direita, após a tradução, à esquerda	40
Figura 22 – Ilustração do grupo E5 da proteína, à direita, após a tradução, à esquerda	40
Figura 23 – Ilustração do grupo E2 da proteína, à direita, após a tradução, à	

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	13
2	REVISÃO DE LITERATURA	14
3	OBJETIVOS	23
3.1	GERAL	23
3.2	ESPECÍFICOS	23
4	METODOLOGIA	24
4.1	CARACTERIZAÇÃO DOS PARTICIPANTES E ASPECTOS ÉTICOS	24
4.2	ADAPTAÇÃO DO MODELO DIDÁTICO	25
4.3	UTILIZAÇÃO DO MODELO DIDÁTICO	25
4.4	AVALIAÇÃO DO USO DO MODELO DIDÁTICO	26
5	RESULTADOS E DISCUSSÃO	29
5.1	ADAPTAÇÃO DO MODELO DIDÁTICO SOBRE TRADUÇÃO	29
5.2	UTILIZAÇÃO DO MODELO DIDÁTICO EM SALA DE AULA	33
5.3	APLICAÇÃO DOS QUESTIONÁRIOS NAS TURMAS	44
6	CONSIDERAÇÕES FINAIS	49
	REFERÊNCIAS	51
	APÊNDICES	53
	APÊNDICE A – MODELO DIDÁTICO COM RNAm NORMAL.....	55
	APÊNDICE B – MODELO DIDÁTICO COM MUTAÇÃO SINÔNIMA.	56
	APÊNDICE C – MODELO DIDÁTICO COM MUTAÇÃO PERDA DE SENTIDO. .	57
	APÊNDICE D – MODELO DIDÁTICO COM MUTAÇÃO SEM SENTIDO.....	58
	APÊNDICE E – MODELO DIDÁTICO DE RIBOSSOMO.	59
	APÊNDICE F – INSTRUÇÕES DE UTILIZAÇÃO DO MODELO DIDÁTICO.	60
	APÊNDICE G – QUESTIONÁRIO PARA A COLETA DE DADOS.....	61
	APÊNDICE H – TERMO DE CONSENTIMENTO LIVRE E ESCLARECIDO.	62
	APÊNDICE I – TERMO DE ASSENTIMENTO.....	63
	APÊNDICE J – TERMO DE ANUÊNCIA.	64

1 INTRODUÇÃO

No ensino médio o ensino de biologia é permeado por elementos, que podem ser, por exemplo, de natureza política, pedagógica, infraestrutural, metodológica, socioemocional, que influenciam direta e indiretamente o processo de ensino-aprendizagem, tanto advindos de contextos externos, como internos ao ambiente onde os processos de educação formal se desenvolvem na complexa trama de relações entre os diversos sujeitos envolvidos.

Alguns desses aspectos envolvem a forma como a biologia é ensinada e as metodologias de ensino empregadas. Muitas vezes, é bem acentuado no ensino médio o contexto de ser prioritariamente um momento preparatório aos grandes exames de avaliação em massa. Outro fator importante, é a busca por metodologias de ensino diversificadas que possam ser pedagogicamente eficazes e instigantes para o aprendizado dos estudantes.

No ensino de biologia na última etapa da educação básica, muitos são os conceitos com maior caráter abstrato, como o caso da biologia molecular, que é abordada no ensino médio dentro dos conteúdos de genética, geralmente no último ano desta etapa da educação formal.

Na biologia molecular, alguns conceitos, como o fluxo da informação, se destacam por sua importância na ciência moderna com a busca por soluções de diversos problemas humanos; também por sua relação com outras temáticas, como o conceito das mutações gênicas. E nesse sentido é importante essa apropriação conceitual por alunos do ensino médio, norteados pela alfabetização científica.

Uma estratégia que contribui na superação dessas dificuldades é a utilização de modelos didáticos como recursos metodológicos em sala de aula, uma vez que alia o lúdico no ensino de temas complexos e desperta interesse dos alunos.

A escolha desses temas nesta investigação se deu devido à percepção no cotidiano da prática docente da dificuldade de compreensão dos alunos desses conceitos complexos usando prioritariamente a metodologia de aulas expositivas. Assim, nasceu a intenção de verificar a aprendizagem desses temas, que se inter-relacionam, por meio de outra metodologia de ensino em que houvesse maior protagonismo dos estudantes, e a busca por diversificação de estratégias de ensino para a prática docente.

Nesse cenário, surgiu o interesse por experimentar o ensino de biologia molecular com uso de modelo didático, como estratégia que auxilie a aprendizagem dos conteúdos de síntese proteica e de mutação gênica, verificando suas possibilidades de contribuição para uma melhor concretude no ensino e aprendizagem.

2 REVISÃO DE LITERATURA

O ensino de biologia, de acordo com Gonzaga et al. (2012, p. 1-2), vem sendo marcado nas últimas décadas por uma dicotomia, que constitui um desafio para os educadores, pois o conteúdo e a metodologia no ensino médio costumam ser voltados, quase que exclusivamente, para a preparação do aluno para as avaliações externas de massa, em detrimento das finalidades atribuídas pela Lei de Diretrizes e Bases da Educação Nacional (LDB) (Lei Nº 9394/1996) à última etapa da educação básica.

No documento supracitado, como exemplos, são finalidades do ensino médio “o aprimoramento do educando como pessoa humana, incluindo a formação ética e o desenvolvimento da autonomia intelectual e do pensamento crítico”, e “a compreensão dos fundamentos científico-tecnológicos dos processos produtivos, relacionando a teoria com a prática, no ensino de cada disciplina”, respectivamente apresentados no incisos III e IV de seu Artigo 35 (BRASIL, 1996).

De acordo com as normatizações da Base Nacional Comum Curricular (BNCC), nessa etapa da educação básica, a área de Ciências da Natureza e suas Tecnologias, onde se encontra a Biologia como disciplina, deve oportunizar o aprofundamento e a ampliação dos conhecimentos explorados no ensino fundamental. Deve tratar a investigação como forma de engajamento dos estudantes na aprendizagem de processos, práticas e procedimentos científicos e tecnológicos, e promover o domínio de linguagens específicas, o que permite aos estudantes analisar fenômenos e processos, utilizando modelos e fazendo previsões. Dessa maneira, possibilita aos estudantes ampliar sua compreensão sobre a vida, o nosso planeta e o universo, bem como sua capacidade de refletir, argumentar, propor soluções e enfrentar desafios pessoais e coletivos, locais e globais (BRASIL, 2018, p. 471-472).

Krasilchik (2016, p. 22) assinala que os objetivos do ensino de biologia são: aprender conceitos básicos, analisar o processo de investigação científica e analisar as implicações sociais da ciência e da tecnologia, além de preparar os jovens para enfrentar problemas, alguns com nítidos componentes biológicos, a exemplo do aumento da produtividade agrícola, ou a preservação do meio ambiente.

Outro desafio constante ligado às possibilidades de aprendizagem nos estudantes nessa etapa da educação básica está na existência de certo nível de abstração em um assunto abordado no ensino de biologia, como é o caso da biologia molecular durante os estudos em genética. Campos et al. (2003, p. 49) argumentam que os processos de ensino e aprendizagem de biologia “envolvem conteúdos abstratos e, muitas vezes, de difícil compreensão e, ainda

hoje, sofrem influências da abordagem tradicional do processo educativo, na qual prevalecem a transmissão-recepção de informações, a dissociação entre conteúdo e realidade e a memorização do mesmo”. Como parte desse processo, a biologia pode ser uma das disciplinas mais relevantes e merecedoras de atenção dos alunos, ou uma das disciplinas mais insignificantes e pouco atraentes, dependendo do que for ensinado e de como isso for feito (KRASILCHIK, 2016, p. 13).

Hermann e Araújo (2013, p. 2) afirmam que o ensino de genética vem enfrentando algumas dificuldades, dentre elas a de despertar o interesse dos estudantes, fazê-los entender processos que envolvem conceitos abstratos e descobrir formas de ajudar o aluno a perceber a relação que existe entre os conhecimentos científicos e o cotidiano.

Nesse sentido, Justina e Ferla (2006, p. 2) problematizam a importância da apropriação de conhecimentos dessa área da biologia, pois, para esses autores, a genética tem fornecido conceitos inovadores, como a terapia gênica, que têm mudado radicalmente a visão de si mesma e sua relação com o resto do universo, e “para a não rejeição e/ou ignorância, frente às novas descobertas em genética, as pessoas necessitam compreender o grande espectro de aplicações e implicações tanto da genética básica quanto da genética aplicada” (JUSTINA, 2001, p. 84).

Essa análise remete ao famoso conceito de “alfabetização biológica” apresentado por Krasilchik (2016, p. 14), no que se refere à apropriação dos conhecimentos das ciências biológicas pelos estudantes durante seu percurso formativo e a sua habilidade de relacioná-los na solução de situações reais de modo integrado a outros conhecimentos. Para ter essa autonomia intelectual e ser possuidor de um pensamento crítico em relação à genética, o sujeito deverá ser alfabetizado cientificamente e tecnicamente (JUSTINA e FERLA, 2006, p. 2).

A relação de abstração e dificuldade que certos conteúdos apresentam no processo de ensino e aprendizagem em biologia decorre em certa parte de como o professor concebe a sua prática pedagógica em sala de aula. Hermann e Araújo (2013, p. 2) ressaltam, nesse sentido, um problema que ocorre é a preferência que alguns professores dão a aulas sempre expositivas, nas quais expõem todo o conteúdo e o aluno é um mero espectador, além de haver uma cobrança muito grande de exercícios repetitivos que priorizam mais a memorização do que o aprendizado do aluno. Ao encontro dessa análise, Krasilchik (2016, p. 18) afirma que mesmo com variações, o ensino médio ainda é feito de forma descritiva, com excesso de terminologia sem vinculação com a análise do funcionamento das estruturas. Martins et al. (2014, p. 20) acrescentam que, além do livro didático, bastante valorizado, faz-

se necessário ao docente experimentar situações de ensino em que possa vivenciar metodologias mais adequadas aos contextos escolares.

Para Justina (2001, p. 96), é necessário que sejam ultrapassados os fatores limitantes da atividade pedagógica e essa superação pode estar associada a uma dinâmica de aula capaz de estimular o interesse dos alunos, de instigá-los a resolver os problemas que devem emergir das próprias atividades, organizadas e orientadas pelo professor para a compreensão de conceitos e procedimentos envolvidos.

Segundo Gonzaga et al. (2012, p. 4), o grande desafio do professor é possibilitar ao aluno desenvolver as habilidades necessárias para a compreensão do homem na natureza, sendo o mediador, aquele responsável por apresentar problemas ao aluno que o desafiem a buscar a solução, usando estratégias de aprendizagem, como jogos, seminários, debates, simulação, propostas que possibilitam a parceria entre professor e alunos.

A utilização de materiais e recursos didáticos diversificados, como defendem Goldbach et al. (2013, p. 1567), se mostra como um caminho fértil para se atingir competências exigidas pelas atuais propostas no ensino. Em favor desse raciocínio, Campos et al. (2003, p. 49) consideram que a apropriação e a aprendizagem significativa de conhecimentos são facilitadas quando tomam a forma aparente de atividade lúdica, pois os alunos ficam entusiasmados quando recebem a proposta de aprender de uma forma mais interativa e divertida, resultando em um aprendizado significativo.

Corroboram com esse pensamento as análises de Carneiro (2013, p. 28) ao constatar que, enquanto o professor valoriza os aspectos cognitivos da aula, considerando-a um espaço de aprendizagem de conceitos que se efetiva com o auxílio de recursos audiovisuais e ilustrações com exemplos do cotidiano, os estudantes valorizam os aspectos socioafetivos estabelecidos na sala de aula, sendo a aula principalmente um espaço de convivência no qual se aprende.

Guimarães et al. (2006, p. 307) conceituam que modelos são construções teóricas que nos possibilitam uma aproximação mais sistemática do objeto de estudo, e dessa forma, da sua compreensão. Nesse sentido, Justina e Ferla (2006, p. 37) apontam que a modelização é introduzida como instância mediadora entre o teórico e o empírico.

O uso de modelos e o desenvolvimento de atividades lúdicas, como sustentam Hermann e Araújo (2013, p. 2), podem auxiliar o professor a despertar o interesse dos alunos pela matéria de genética, a visualização se torna mais fácil, de modo que os alunos possam interagir com o material, tornando a aula mais prazerosa, motivando os alunos a participarem e se envolverem no processo. Estes autores salientam ainda a importância de utilizar questões-

-problema, que levem os alunos a buscar as soluções, construindo seu conhecimento com a mediação do professor.

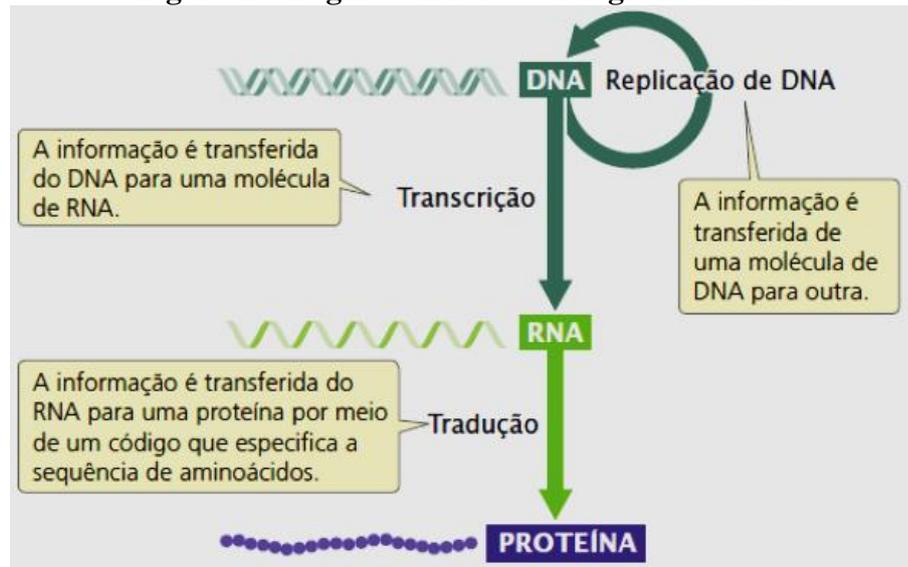
Segundo Marques e Ferraz (2011, p. 4), os modelos didáticos podem ser empregados no ensino de genética com o objetivo de facilitar a compreensão dos conceitos considerados complexos pelos estudantes, além de promover entre os alunos uma interação social mais rica, motivadora e, conseqüentemente, mais eficaz.

Diante do exposto, foi percebido que existe uma dificuldade de abordagem de alguns conteúdos de biologia no ensino médio, entre elas, o ensino de biologia molecular, com o qual geralmente os estudantes sentem dificuldade de compreensão, mesmo que haja durante as aulas expositivas auxílio de imagens em movimento apoiando a discussão teórica sobre os mecanismos moleculares que envolvem o fluxo da informação genética. Conforme ressaltou Justina (2001, p. 12) sobre este ponto, “a compreensão dos avanços em genética pressupõe o entendimento do conceito de gene, bem como do fluxo da informação genética”. Esta autora afirma ainda que a apropriação dos conceitos envolvidos permitirá a compreensão de como ocorre a hereditariedade, e aponta também para a relação desses conhecimentos com os aspectos tecnológicos da clonagem, engenharia genética e outros ligados à manipulação de ácido desoxirribonucleico (DNA) (ibidem, p. 86).

O conceito do fluxo da informação genética ficou conhecido quando Francis Crick propôs o que chamou de dogma central da biologia molecular: o DNA codifica para a produção de ácido ribonucleico (RNA) no processo de transcrição, o RNA codifica para a produção de proteína no processo de tradução. A tradução ocorre nos ribossomos, que são máquinas moleculares sintetizadoras de proteínas que formam um complexo com o RNA mensageiro (RNAm) e o RNA transportador (RNAt) nas posições apropriadas (PURVES et al. 2005, p. 220 e p. 225).

O fluxo da informação genética nas células é, portanto, de DNA para RNA e deste para proteína, e todas as células, desde a bactéria até os seres humanos, expressam sua informação genética dessa maneira (ALBERTS et al., 2017, p. 299). Assim, como explica Pierce (2005, p. 451), o dogma central é uma grande simplificação que afirma que a informação genética passa do DNA para a proteína em uma via unidirecional de informação de mão única (Figura 1), podendo haver, entretanto, outras transferências em alguns organismos ou em circunstâncias especiais.

Figura 1 – Dogma central da biologia molecular



Fonte: PIERCE, 2016, p. 452.

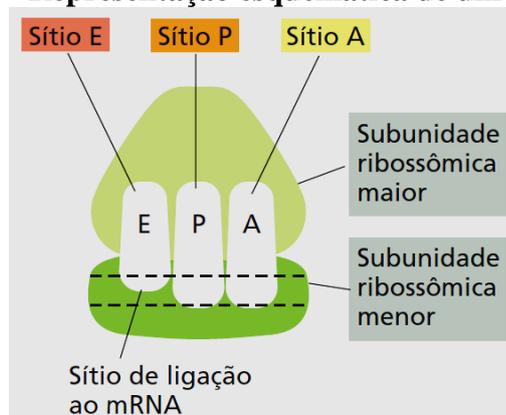
A conversão da informação de RNA para proteína representa uma tradução da informação para outra linguagem que utiliza símbolos bastante diferentes. Além disso, visto que existem somente quatro nucleotídeos diferentes no RNA (variando em suas bases nitrogenadas: Adenina=A, Uracila=U, Guanina=G e Citosina=C) e 20 tipos distintos de aminoácidos em uma proteína, não se pode atribuir nessa tradução uma correspondência direta entre um nucleotídeo no RNA e um aminoácido na proteína. A sequência de nucleotídeos de um gene, por intermédio do RNA, é traduzida na sequência de aminoácidos de uma proteína, aplicando-se as regras conhecidas como código genético. A sequência de nucleotídeos em uma molécula de RNA é lida em grupos consecutivos de três. O RNA é um polímero linear de quatro nucleotídeos diferentes, de tal forma que existem $4 \times 4 \times 4 = 64$ combinações possíveis de três nucleotídeos. Entretanto, somente 20 aminoácidos diferentes são normalmente encontrados nas proteínas. Cada grupo de três nucleotídeos consecutivos no RNA é denominado códon, e cada códon especifica um aminoácido ou determina a finalização do processo de tradução, contudo diversos códons podem determinar um único aminoácido, o que caracteriza o código genético como redundante (ALBERTS et al., 2017, p. 335), ou, nas palavras de Francis Crick, degenerado (PIERCE, 2016, p. 637).

Deste modo, de acordo com Pierce (2016, p. 591), o RNA mensageiro atua como molde para a síntese de proteína, carreando a informação genética do DNA para um ribossomo, ajudando a montar os aminoácidos na ordem correta.

Os ribossomos eucarióticos e bacterianos têm estruturas e funções semelhantes, sendo compostos por uma subunidade maior e uma menor que se associam para formar um

ribossomo completo, sendo que a subunidade menor fornece uma região sobre a qual os RNAt são pareados de maneira eficiente aos códons do RNAm, enquanto a subunidade maior contribui na formação das ligações peptídicas que unem os aminoácidos, formando uma cadeia polipeptídica. Para coreografar os muitos movimentos coordenados necessários para uma tradução eficiente, um ribossomo contém quatro sítios de ligação para moléculas de RNA: um é para o RNA mensageiro, e três são para RNA transportadores, chamados de sítio A, sítio P e sítio E (Figura 2) (ALBERTS et al., 2017, p. 340, p. 341).

Figura 2 – Representação esquemática de um ribossomo



Fonte: ALBERTS et al., 2017, p. 342.

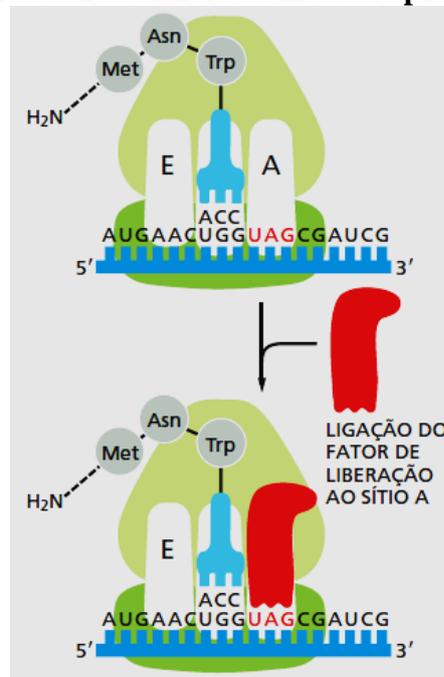
A síntese de proteínas é guiada pela informação presente nas moléculas de RNAm (ALBERTS et al., 2017, p. 340), e tanto a etapa de iniciação, quanto a de terminação são sinalizadas por sequências de nucleotídeos. A tradução de um RNAm tem início com um códon AUG, e um RNAt inicial que sempre carrega o aminoácido metionina, acarretando em proteínas recém-formadas com metionina como o primeiro aminoácido, cuja remoção posterior geralmente ocorre. O final da mensagem codificadora de uma proteína é sinalizado pela presença de um de três códons de terminação (UAA, UAG ou UGA), os quais não são reconhecidos, nem por um RNAt, nem determinam um aminoácido; em vez disso, sinalizam para o ribossomo o final da tradução. Proteínas conhecidas como fatores de liberação ligam-se a qualquer ribossomo que possua um códon de terminação posicionado no sítio A, e esta ligação provoca a liberação do peptídeo, e contribui para o ribossomo soltar sua molécula de RNAm e dissociar suas subunidades maior e menor, que podem se associar sobre a mesma ou sobre outra molécula de RNAm para começar um novo ciclo de síntese proteica (ibidem, p. 347-348).

Já os RNA transportadores são moléculas adaptadoras que podem, no anticódon, uma região sua que é um conjunto de três nucleotídeos consecutivos, reconhecer e se ligar ao

códon complementar no RNAm e, noutra região de sua superfície, ligar-se ao aminoácido correspondente (ALBERTS et al., 2017, p. 334-335). Assim, o RNAt serve como elo entre o código genético do RNAm e os aminoácidos que compõem uma proteína. Cada RNAt se liga a um aminoácido específico e o carrega até o ribossomo, onde o RNAt adiciona seu aminoácido à cadeia polipeptídica crescente, na posição especificada pelas instruções genéticas contidas no RNA (PIERCE, 2016, p. 606).

Quando a síntese de proteínas não está ativa, as duas subunidades do ribossomo estão separadas. Elas se associam a uma molécula de RNAm para iniciar a síntese de uma proteína. O RNAm é, então, puxado através do ribossomo, três nucleotídeos de cada vez. Conforme seus códons penetram no ribossomo, a sequência de nucleotídeos do RNAm é traduzida em uma sequência de aminoácidos, usando os RNA transportadores como adaptadores para adicionar cada aminoácido na sequência correta na extremidade crescente da cadeia polipeptídica. Quando um códon de terminação é encontrado, o ribossomo libera a proteína finalizada e suas duas subunidades separam-se novamente (Figura 3). Nesse ponto, essas subunidades podem ser reutilizadas para iniciar a síntese de outra proteína com outra molécula de RNA mensageiro (ALBERTS et al., 2017, p. 341).

Figura 3 – Fase final da síntese de proteínas



Fonte: ALBERTS et al., 2017, p. 349.

Todas as proteínas, produtos da tradução, são compostas por aminoácidos, ligados de uma ponta a outra. Existem 20 aminoácidos comuns nas proteínas, que podem ser

representados com suas abreviações de três letras ou uma letra (Figura 4). Os aminoácidos nas proteínas são unidos por ligações peptídicas para formar cadeias de polipeptídios, e uma proteína tem uma ou mais cadeias de polipeptídios. Algumas proteínas têm apenas alguns aminoácidos, enquanto outras podem ter milhares (PIERCE, 2016, p. 629).

Figura 4 – Nome e abreviatura de três letras dos 20 aminoácidos componentes de proteínas

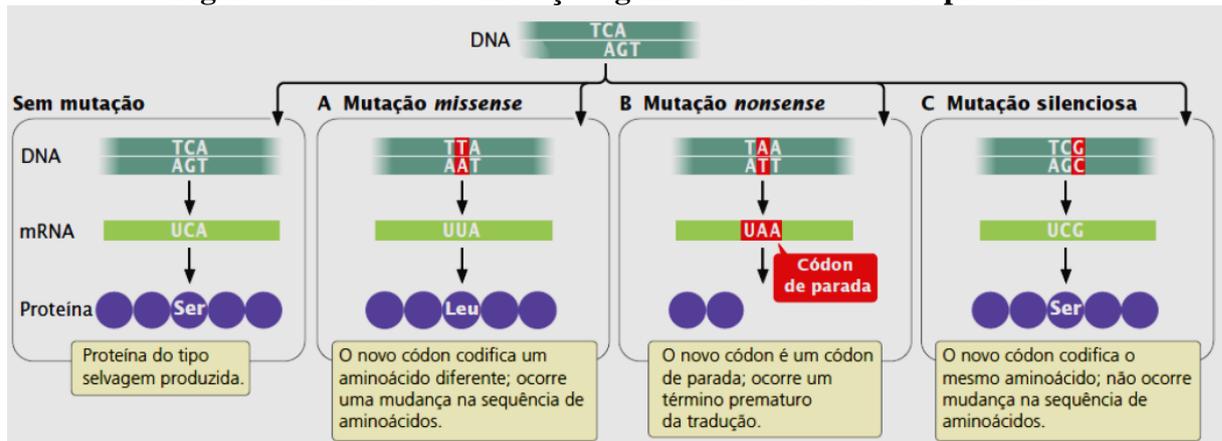
Ala – alanina	Cis – cisteína	Gln – glutamina	Lis – lisina	Tir – tirosina
Arg – arginina	Fen – fenilalanina	His – histidina	Met – metionina	Tre – treonina
Asn – asparagina	Gli – glicina	Ile – isoleucina	Pro – prolina	Trp – triptofano
Asp – aspartato	Glu – glutamato	Leu – leucina	Ser – serina	Val – valina

Fonte: OGO e GODOY, 2016, p. 91.

Além disso, como salientam Alberts et al. (2017, p. 117), são distinguidos quatro níveis de organização na estrutura de uma proteína. A sequência de aminoácidos é conhecida como estrutura primária. Os trechos da cadeia polipeptídica que formam α -hélices e folhas β constituem a estrutura secundária da proteína. A conformação tridimensional completa da cadeia polipeptídica algumas vezes é chamada de estrutura terciária e, se uma proteína em particular é formada por um complexo de mais de uma cadeia polipeptídica, a estrutura completa é designada estrutura quaternária.

Uma mutação é definida como uma mudança herdada na informação genética, e historicamente as mutações foram divididas entre as que afetam um único gene, as mutações gênicas, e as que afetam o número ou a estrutura dos cromossomos, chamadas de mutações cromossômicas. Com base na sua natureza molecular, há três tipos básicos de mutações gênicas, a substituição, a inserção e a deleção de base nitrogenada em nucleotídeo no DNA. Assim, uma substituição de base que resulta em um diferente aminoácido na proteína é chamada de mutação de perda de sentido (*missense*); uma mutação sem sentido (*nonsense*) muda um códon que especifica um aminoácido em um códon que termina a tradução; e uma mutação sinônima (silenciosa) muda um códon para um códon sinônimo que especifica o mesmo aminoácido (Figura 5) (PIERCE, 2016, p. 733, p. 735, p. 739).

Figura 5 – Efeitos das mutações gênicas na estrutura da proteína



Fonte: PIERCE, 2016, p. 740.

Portanto, segundo Marques e Ferraz (2011, p. 10), a “inserção de um modelo didático em uma estratégia metodológica para o ensino médio poderá auxiliar no processo de ensino e aprendizagem dos processos biológicos inerentes à ciência da hereditariedade”, uma vez que, para Hodson (1994 citado por GOLDBACH et al. 2013, p. 1568), o aluno se encontra envolvido, em situação ativa e crítica, seja no domínio psicomotor, cognitivo ou afetivo.

3 OBJETIVOS

3.1 GERAL

Avaliar a utilização de um modelo didático de síntese proteica como recurso metodológico com alunos da 3ª série do Ensino Médio regular em uma escola pública da rede estadual, em Itapipoca-CE.

3.2 ESPECÍFICOS

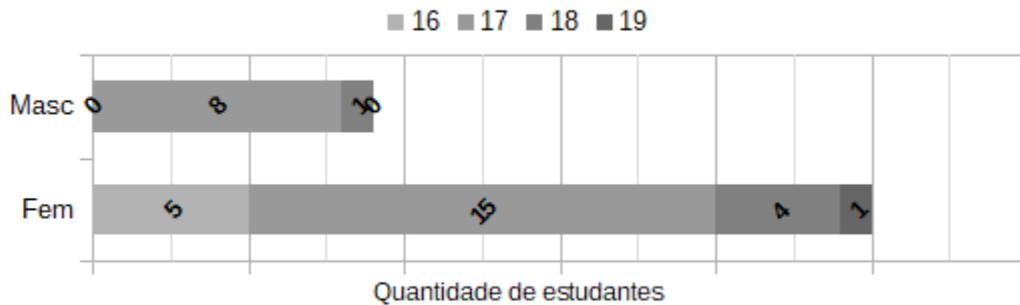
- a) Adaptar um modelo didático sobre tradução para inserir o conteúdo de mutações gênicas;
- b) Aplicar um modelo didático em sala de aula com os alunos sobre o assunto de síntese de proteínas;
- c) Analisar a aprendizagem dos alunos sobre o conteúdo de síntese proteica e de mutações gênicas mediante o uso do modelo didático.

4 METODOLOGIA

4.1 CARACTERIZAÇÃO DOS PARTICIPANTES E ASPECTOS ÉTICOS

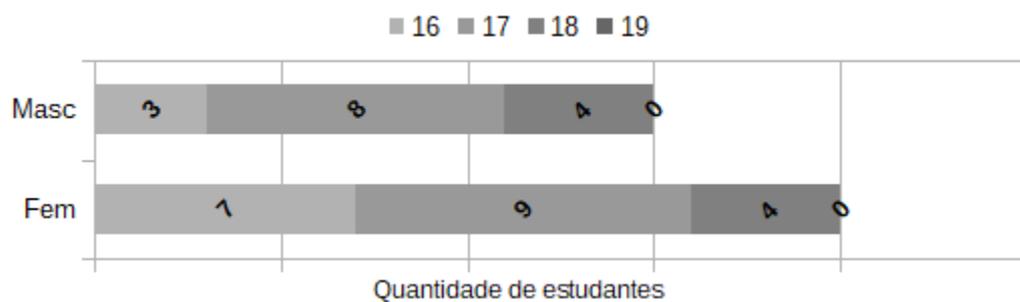
A atividade foi desenvolvida durante o mês de maio de 2018, em duas turmas de 3ª série do ensino médio regular de uma escola pública da rede estadual, localizada no município de Itapipoca-CE, a aproximadamente 135 Km distante da capital cearense. A escolha dessa instituição de educação básica se deu por ser o local de trabalho docente do professor mestrando. O público-alvo envolveu os 34 estudantes da turma “B”, e a turma “C”, com 35, sendo predominantes do total de sujeitos, considerando ambas as salas, o sexo feminino (62,5%) e a idade de 17 anos (58,0%) (Figuras 6 e 7). O critério adotado para seleção da população investigada envolveu uma maior viabilidade de execução desta pesquisa.

Figura 6 – Perfil etário da turma “B”



Fonte: Elaborado pelo autor.

Figura 7 – Perfil etário da turma “C”



Fonte: Elaborado pelo autor.

Este projeto foi submetido ao Comitê de Ética em Pesquisa em março de 2018, com registro CAAE: 34570114.8.0000.5534. Todos os estudantes que participaram desta investigação assinaram os documentos de consentimento ou assentimento, com a devida

assinatura de autorização por um representante legal em caso daqueles menores de idade (Apêndices H e I). Da mesma forma, foi concedida pelo Diretor, da escola em questão, a autorização de realização da pesquisa dentro do espaço da instituição educacional mediante assinatura de Termo de anuência (Apêndice J).

4.2 ADAPTAÇÃO DO MODELO DIDÁTICO

O modelo didático sobre tradução utilizado nas aulas foi adaptado a partir da proposta descrita por Rodrigues (2015). Enquanto o modelo do autor fora confeccionado em sala de aula com os estudantes e continha apenas uma sequência de RNAm para o desenvolvimento da atividade, as adaptações realizadas nesta pesquisa foram concebidas visando dinamizar o momento lúdico em sala, ampliando o aspecto conceitual do modelo didático de síntese proteica, incluindo a temática de mutação gênica (Apêndices A ao E).

4.3 UTILIZAÇÃO DO MODELO DIDÁTICO

Obedecendo ao cronograma de aulas semanais do calendário letivo escolar da instituição de ensino, para ambas as turmas selecionadas, houve igualmente quatro horas/aula (h/a) para abordagem dos conteúdos de biologia molecular, constante no capítulo 6 do livro didático (volume 3 da Coleção *#Contato Biologia*, OGO e GODOY, 2016), uma vez que esses conteúdos são abordados junto aos conteúdos de genética, geralmente ao longo do primeiro semestre letivo do componente curricular de biologia na 3ª série do ensino médio.

Após a introdução do assunto, foram dedicadas duas h/a para utilização do modelo didático em sala de aula. Uma das turmas foi selecionada, por sorteio, como turma *Padrão*, a turma “C”, na qual não houve o uso da atividade lúdica, simulando condição de aprendizagem sem emprego de modelo didático. Na outra, a turma “B”, por sorteio selecionada como turma *Experimental*, ocorreu a utilização do modelo de tradução proteica, a partir da qual foi feita uma comparação sobre o potencial de contribuição da atividade lúdica na aprendizagem dos estudantes em relação a uma abordagem tradicional, sem uso de metodologia diferenciada.

Para aplicação do modelo didático na turma *Experimental*, os alunos presentes foram, de forma espontânea, agrupados em cinco equipes, com número semelhante de membros em cada uma. Em seguida, o material para a realização da atividade lúdica,

previamente preparado pelo professor, foi distribuído para cada grupo, contendo os seguintes itens comuns:

- a) Duas subunidades de um ribossomo;
- b) Dez moléculas de RNAt exibindo seus respectivos anticódons;
- c) Quinze aminoácidos, sendo alguns correspondentes aos RNAt disponibilizados, e outros sem correspondência, podendo também haver duplicatas entre os aminoácidos;
- d) Um fator de terminação;
- e) Uma fita de RNAm com sequência hipotética de bases nitrogenadas.

Dois grupos receberam fitas idênticas de RNAm, de modo a proporcionar a síntese de uma mesma proteína hipotética típica e funcional contendo oito aminoácidos. Outras duas equipes receberam cada uma fita de RNAm contendo uma troca em uma base nitrogenada, que implica numa mutação sinônima nessa mesma proteína hipotética para uma equipe, e, para outra equipe, numa mutação de perda de sentido no peptídeo. O último grupo recebeu um caso de mutação sem sentido na sua fita de RNAm, e a proteína final implica em ser curta em relação às demais produzidas pelas equipes.

Após a finalização do uso do modelo didático com a produção dos peptídeos, os grupos foram orientados a desenhar numa folha ofício em branco de tamanho A4, fornecida pelo professor, a sua respectiva sequência de aminoácidos obtida, com finalidade de ser feita uma discussão coletiva sobre as diferenças observadas, relacionando aos conceitos teóricos sobre a biologia molecular apresentados em aulas anteriores.

4.4 AVALIAÇÃO DO USO DO MODELO DIDÁTICO

Conforme Silveira e Córdova (2009, p. 36), para se desenvolver uma pesquisa, é indispensável selecionar o método a utilizar, podendo ser escolhidas diferentes modalidades de pesquisa, sendo possível aliar o qualitativo ao quantitativo. À luz dessa explicação, a presente investigação tem característica de pesquisa-ação, pois vai de encontro ao que afirma Fonseca (2002 citado por SILVEIRA e CÓRDOVA, 2009, p. 40) em:

O objeto da pesquisa-ação é uma situação social situada em conjunto e não um conjunto de variáveis isoladas que se poderiam analisar independentemente do resto. Os dados recolhidos no decurso do trabalho não têm valor significativo em si, interessando enquanto elementos de um processo de mudança social. O investigador abandona o papel de observador em proveito de uma atitude participativa e de uma

relação sujeito a sujeito com os outros parceiros. O pesquisador quando participa na ação traz consigo uma série de conhecimentos que serão o substrato para a realização da sua análise reflexiva sobre a realidade e os elementos que a integram. A reflexão sobre a prática implica em modificações no conhecimento do pesquisador.

Assim, para avaliar a eficácia do modelo didático, foi realizada aplicação de um *Teste* com perguntas objetivas sobre conceitos relacionados aos processos de síntese proteica e mutação gênica (Apêndice G). Trata-se, deste modo, da adoção de questionário como um dos instrumentos de coleta de dados em pesquisa, em conformidade com o que explicam Gerhardt et al. (2009, p. 69):

É um instrumento de coleta de dados constituído por uma série ordenada de perguntas que devem ser respondidas por escrito pelo informante, sem a presença do pesquisador. Objetiva levantar opiniões, crenças, sentimentos, interesses, expectativas, situações vivenciadas. A linguagem utilizada no questionário deve ser simples e direta, para que quem vá responder compreenda com clareza o que está sendo perguntado.

Para Chaer et al. (2011, p. 258), a escolha da técnica de pesquisa é, na verdade, a escolha não da única, mas, sim, da principal técnica a ser utilizada, pois sempre mais de uma técnica será necessária no transcurso do trabalho a ser desenvolvido.

Com a opção por perguntas objetivas no *Teste*, o informante escolhe uma resposta entre as constantes de uma lista predeterminada, indicando aquela que melhor corresponda à que deseja fornecer, o que favorece uma padronização e uniformização dos dados coletados pelo questionário maior do que no caso das perguntas abertas (GERHARDT et al., 2009, p. 70). No entanto, conforme Chaer et al. (2011, p. 262), um aspecto negativo é a limitação das possibilidades de respostas, restringindo, pois, as possibilidades de manifestação do interrogado.

Nesse cenário, na turma *Experimental*, a realização do *Teste*, acrescido de perguntas avaliativas (destacadas em negrito no questionário) (Apêndice G) sobre o momento envolvendo a atividade lúdica, deu-se logo após a conclusão desta, e, somado ao questionário respondido pelos estudantes, houve uma entrevista não estruturada na forma de uma breve conversa sobre as percepções em relação ao desenvolvimento da atividade. Para a turma *Padrão*, o *Teste*, apenas com as perguntas conceituais, foi aplicado ao final da carga horária dedicada à exposição tradicional teórica dos conteúdos.

A análise tem como objetivo organizar os dados de forma que fique possível o fornecimento de respostas para o problema proposto (GERHARDT et al., 2009, p. 70), portanto, as respostas do público-alvo aos questionários receberam tratamento por meio de

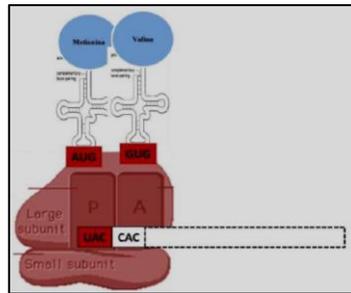
programas de computador (Microsoft® Excel 2016 e/ou LibreOffice Calc 6.1.6.3 x64) para plotagem em gráficos facilitando as interpretações dos dados mensurados.

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 ADAPTAÇÃO DO MODELO DIDÁTICO SOBRE TRADUÇÃO

A opção por adotar como matriz a proposta de modelo didático sobre tradução apresentada por Rodrigues (2015) (Figura 8) se deu pela afinidade à intenção metodológica desta presente investigação.

Figura 8 – Modelo didático matriz sobre tradução



Fonte: RODRIGUES, 2015, p. 44.

Entretanto, utilizando-se do programa *Microsoft Office PowerPoint®* 2016, foi necessário um processo de redesenho do modelo visando adequação para permitir uma abordagem sobre o conceito de mutação gênica. Para isso, foram elaboradas quatro sequências de RNAm diferentes (Apêndices A ao D), tendo como base uma fita de RNAm com sequência hipotética de bases nitrogenadas que conduz a produção de um peptídeo com oito aminoácidos, e três versões derivadas variantes, cujos peptídeos correspondentes permitem a comparação com o sintetizado a partir do filamento base (Quadro 1).

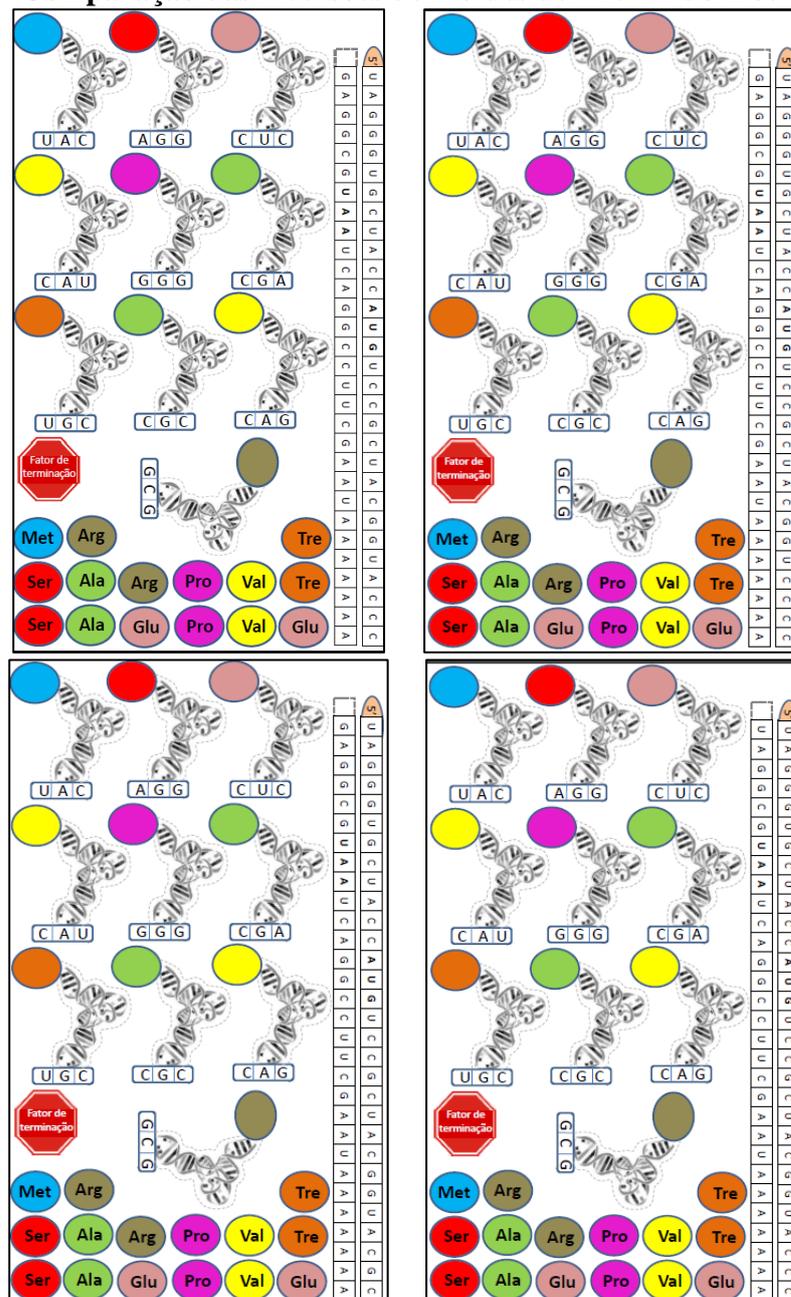
Quadro 1 – Variantes de filamentos de RNAm e suas proteínas correspondentes

Fita 1 de RNAm - <i>proteína normal</i> : ...AUGUCCGCUACGGUACCCGAGGCGUAA...	Met Ser Ala Tre Val Pro Glu Ala
Fita 2 de RNAm - <i>mutação sinônima</i> : ...AUGUCCGCUACGGUCCCCGAGGCGUAA...	Met Ser Ala Tre Val Pro Glu Ala
Fita 3 de RNAm - <i>mutação de perda de sentido</i> : ...AUGUCCGCUACGGUACGCGAGGCGUAA...	Met Ser Ala Tre Val Arg Glu Ala
Fita 4 de RNAm - <i>mutação sem sentido</i> : ...AUGUCCGCUACGGUACCCUAGGCGUAA...	Met Ser Ala Tre Val Pro

Fonte: Elaborado pelo autor.

Com a mesma necessidade de redesenho, tanto os aminoácidos, como as moléculas de RNAt, foram elaborados a partir da correspondência dos códons disponíveis nas quatro sequências de filamentos de RNAm. Assim, para impressão do molde, todas as peças de RNAt e aminoácidos necessários para o processo de tradução constavam em cada folha impressa em tamanho A4, sendo cada molde diferente entre si apenas devido à base nitrogenada de um nucleotídeo do filamento do filamento de RNAm (Figura 9).

Figura 9 – Comparação das 4 versões de moldes de RNAm do modelo didático



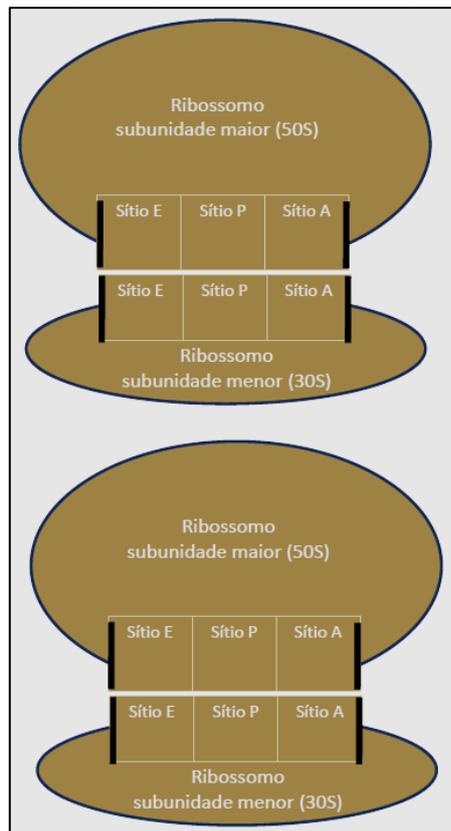
Fonte: Elaborado pelo autor.

O molde do ribossomo do modelo (Apêndices E) também foi remodelado para permitir que fossem visualizados os contextos conceituais:

- a) da existência das duas subunidades desta organela celular;
- b) de o filamento do RNAm se movimentar por um espaço entre o encaixe das subunidades;
- c) e a visualização dos sítios do ribossomo e a relação deles com o movimento de cada par de RNAt com aminoácido.

Para tanto, os moldes foram inicialmente desenhados com dois ribossomos cada um contendo suas subunidades, para aproveitar o tamanho da folha A4 (Figura 10).

Figura 10 – Moldes de ribossomo do modelo didático

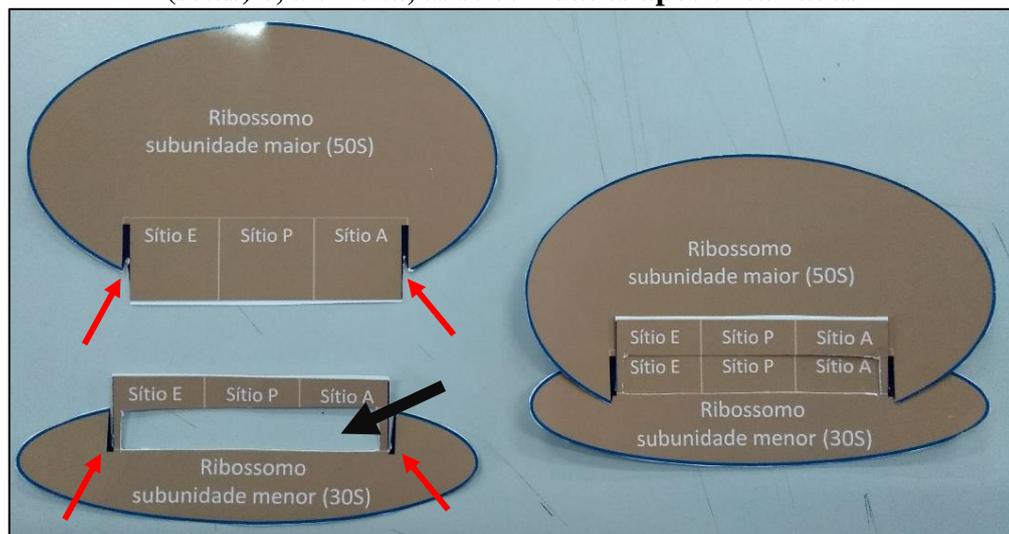


Fonte: Elaborado pelo autor.

No molde do ribossomo, as linhas grossas indicam o local para o recorte que permita o encaixe de uma subunidade na outra. Contudo, após a primeira impressão-teste, foi necessário a realização de um recorte em forma de retângulo na subunidade menor do ribossomo, para que permita, após o encaixe das peças, a visualização da sequência das bases nitrogenadas da fita de RNAm durante a realização da tradução.

Na Figura 11 pode-se observar os locais, indicados pelas setas vermelhas delgadas, nas peças do molde onde foi necessário recortar com tesoura para permitir o encaixe, e, na indicação pela seta preta larga, o local onde deve ser feito o recorte com estilete para formar um espaço em retângulo que permita a visualização, por detrás, do filamento de RNAm durante a síntese proteica.

Figura 11 – Ribossomo do modelo didático, à esquerda, mostrando locais para recortar (setas) e, à direita, as subunidades após encaixadas

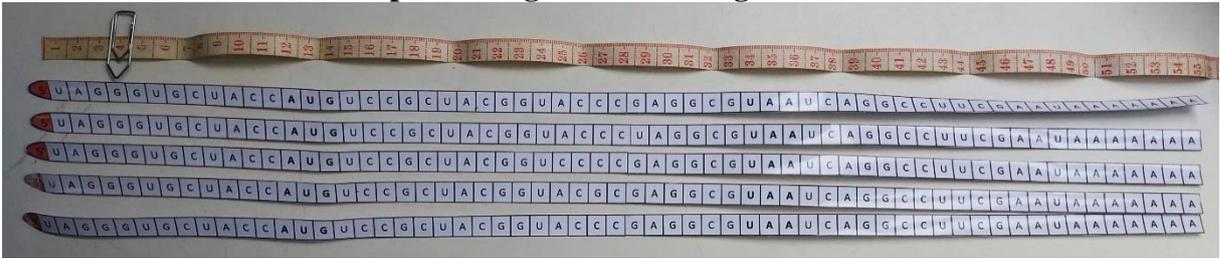


Fonte: Elaborado pelo autor.

Todos os moldes das peças do modelo didático foram impressos em papel de gramatura diferenciada visando ser mais resistente ao manuseio a que foram submetidos durante a utilização do modelo didático na atividade lúdica. Para isso, foi escolhida impressão em papel foto de tamanho A4 para todas as folhas de moldes, a um custo baixo de impressão. Foram impressas três folhas de moldes de ribossomos (Apêndices E), duas folhas do molde do RNAm normal (Apêndices A), e uma folha de cada um dos moldes com RNAm variantes (Apêndices B, C e D), totalizando oito impressões.

Dessa forma, após a impressão e recortes, foram obtidas 150 peças, distribuídas em cinco conjuntos semelhantes de componentes moleculares do modelo didático sobre tradução. Cada um dos conjuntos foi previamente acondicionado em envelopes, feitos artesanalmente, exceto pelas fitas de RNAm, cujo comprimento é extenso por serem compostas de dois segmentos longilíneos colados um no outro com cola para isopor (Figura 12).

Figura 12 – Fitas de RNAm do modelo didático, com cerca de 55 cm de comprimento, após a colagem dos dois segmentos



Fonte:Elaborado pelo autor.

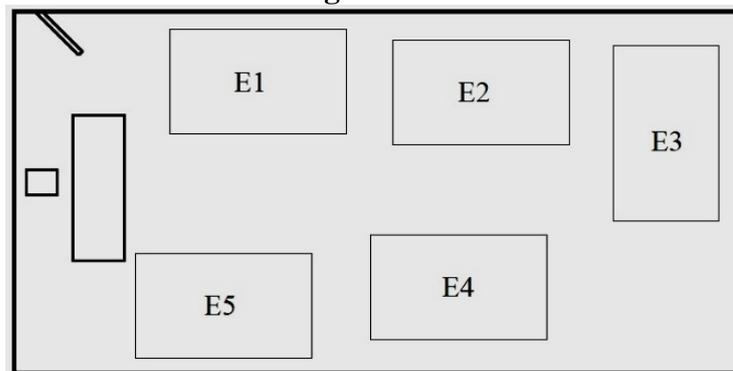
5.2 UTILIZAÇÃO DO MODELO DIDÁTICO EM SALA DE AULA

Posteriormente ao cumprimento da carga horária prevista para abordagem conceitual introdutória sobre fluxo da informação genética e mutações gênicas nas duas turmas, houve a utilização do modelo didático, seguida pela aplicação dos questionários na turma *Experimental*. Na turma *Padrão*, apenas aplicação do questionário.

Na turma *Experimental*, a atividade lúdica com uso do modelo didático ocorreu na data de 17 de maio de 2018, na sala de aula, com 26 alunos matriculados presentes, durante as duas h/a de biologia que ocorrem depois do intervalo no período da manhã.

Após o momento inicial da aula, em que se realizam os cumprimentos e o registro de frequência dos estudantes, foi explicado à turma sobre a realização de uma atividade de classe em equipes abordando os últimos conteúdos sobre biologia molecular vistos nas aulas anteriores, e solicitado aos alunos a organização de cinco grupos com quantidade equivalente de membros em cada um. A turma, portanto, gerou a configuração de grupos como a Figura 13.

Figura 13 – Representação aérea da sala de aula com as equipes (E1, E2, E3, E4 e E5) organizadas



Fonte: Elaborado pelo autor.

Em seguida foi pedido à turma que permanecessem apenas com o livro didático de biologia sobre as mesas, aberto nas páginas 91 e 92, onde constam, respectivamente (Figura 14), a tabela do código genético, e ilustrações do processo de tradução, que serviram como fontes conceitual e imagética com as quais os alunos pudessem se orientar durante a realização da atividade lúdica em seus grupos. No mesmo instante foram entregues, por cada equipe, um dos envelopes contendo o conjunto comum das peças do modelo didático.

Figura 14 – Livro didático (versão Manual do professor) exibindo as páginas 91 e 92

Tradução

Nos eucariontes, após a transcrição do DNA e as modificações no transcrito, a molécula de RNAm é transferida do núcleo para o citoplasma, onde orientará a síntese proteica. A tradução consiste em converter a sequência de nucleotídeos codificada no RNAm em uma sequência específica de aminoácidos para formar uma proteína. Antes de estudar o processo de tradução, vamos conhecer o código genético.

Decifrando o código genético

Uma proteína ou polipeptídeo é formada por uma sequência específica de aminoácidos ligados entre si por meio de ligações peptídicas. Essa sequência de aminoácidos é determinada pela sequência de nucleotídeos de um gene, e as bases nitrogenadas desses nucleotídeos são identificadas por letras. Ou seja, a sequência de bases nitrogenadas do DNA atua como um código genético, como uma sequência de aminoácidos durante a tradução.

A leitura do código genético é feita a partir de uma sequência de três bases nitrogenadas consecutivas chamadas códon. Cada códon especifica um tipo de aminoácido. Dessa maneira, a sequência específica de códons presentes em um gene codifica uma sequência específica de aminoácidos, que formará uma proteína específica, um "produto gênico".

O código genético é considerado redundante, pois um aminoácido pode ser especificado por mais de um tipo de códon. Além disso, no código genético, existem códons que não especificam nenhum aminoácido. Esses códons são chamados códons de fim ou códons sem sentido, pois, além de não designar nenhum aminoácido, sinalizam que a proteína está completa, como veremos mais adiante.

O código genético é formado por 64 códons diferentes, os quais especificam 20 tipos de aminoácidos que podem ser combinados de várias maneiras para formar polipeptídeos diferentes. Observe, a seguir, um quadro representativo do código genético dos seres vivos, com todos os possíveis códons e os aminoácidos que eles especificam.

		Segunda letra							
		U	C	A	G				
Primeira letra	U	UUU UUC UUA UUG	Fen Leu	UCU UCC UCA UCG	Ser	UAU UAC UAA UAG	Thr Ile Fim	UGU UGC UGA UGG	Cis Tir Fim
	C	CUU CUC CUA CUG	Leu	CCU CCC CCA CCG	Pro	CAU CAC CAA CAG	His Gln	CGU CGC CGA CGG	Arg
	A	AUU AUC AUA	Ile	ACU ACC ACA	Thr	AAU AAC AAA	Asn Lis	AGU AGC AGA	Ser Cis Arg
	G	GUU GUC GUA GUG	Val	GGU GGC GGA GGG	Arg	GAU GAC GAA GAG	Asp Glu	GGU GGC GGA GGG	Tir Cis Glu

Códons de início da tradução: AUG

Códons de término da tradução: UAG, UGA, UGG

Legenda:
 Ala - alanina; Arg - arginina; Asn - asparagina; Asp - aspartato; Cys - cisteína; Fen - fenilalanina; Gln - glutamina; Glu - glutamato; His - histidina; Ile - isoleucina; Leu - leucina; Lis - lisina; Met - metionina; Phe - fenilalanina; Pro - prolina; Ser - serina; Thr - treonina; Trp - triptofano; Val - valina.

O processo de tradução

Durante o processo de tradução, o RNAm é traduzido nas organelas chamadas ribossomos, os quais são formados por proteínas e RNAr, organizados em duas subunidades, uma maior e outra menor. Além dos ribossomos, a síntese proteica envolve o RNAm, que atua como molde desse processo, e o RNAt, que atua como um adaptador entre o códon do RNAm e seu aminoácido específico.

O RNAt é altamente específico em relação ao aminoácido que transporta até o ribossomo. Sua molécula possui dois sítios de ligação, sendo um deles o anticódon, formado por uma trinca de nucleotídeos que é complementar ao códon para o aminoácido que o RNAm especifica. Outro sítio de ligação é a região que está unida ao aminoácido. Durante a tradução, o códon do RNAm e o anticódon do RNAt se ligam por complementariedade de bases nitrogenadas, garantindo que o aminoácido correto seja adicionado à cadeia polipeptídica em produção.

Cada aminoácido possui um tipo específico de RNAt, ao qual enzimas adicionam o aminoácido correto, no sítio de ligação do RNAt. A tradução pode ser dividida em três fases: iniciação, alongamento e término.

Processo de tradução

A iniciação da tradução ocorre quando a subunidade menor do ribossomo se liga ao RNAm, próximo ao códon de iniciação AUG. Um tipo específico de RNAt insere a metionina (Met), o primeiro aminoácido de uma cadeia polipeptídica. Em seguida, a subunidade maior se associa à menor para formar o ribossomo completo.

Inicia-se, então, o processo de alongamento para a formação da cadeia polipeptídica. Após a inserção da metionina, um segundo códon é posicionado no sítio A do ribossomo, orientando a entrada de um segundo RNAt carregado com aminoácido.

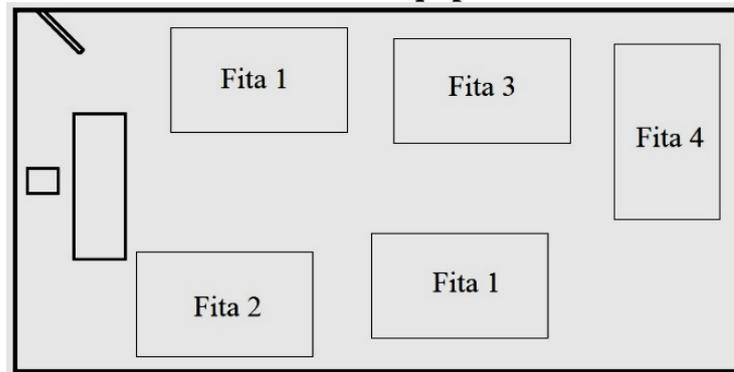
Após o pareamento do códon e anticódon, ocorre a ligação peptídica do segundo aminoácido à metionina presente no sítio P. Enquanto o RNAt de iniciação é liberado do ribossomo no sítio E, a medida que o ribossomo se move sobre a RNA do RNAm, novos códons são posicionados no sítio A, orientando a inserção de aminoácidos específicos à cadeia polipeptídica. Assim, os aminoácidos são adicionados um de cada vez, por leitura de códons sucessivos do RNAm.

O término da síntese proteica ocorre quando um códon de término ou fim é posicionado no sítio A do ribossomo. Essa ação não é reconhecida por nenhum RNAt, mas por proteínas de liberação que finalizam a síntese proteica, promovendo a liberação do polipeptídeo recém sintetizado no sítio P. Após a liberação da proteína, o ribossomo se dissocia e a metionina adicionada no início da tradução pode ser mantida na proteína ou degradada.

Fonte: OGO e GODOY, 2016.

Após esta etapa, foi realizada a distribuição de forma aleatória das cinco fitas de RNA mensageiro do modelo didático, e de uma folha de papel ofício tamanho A4 em branco para cada equipe. No momento da entrega desses materiais em cada grupo, foi explicado que a informação genética para fabricação da proteína que a equipe produziria com as peças do modelo didático estava contida no filamento de RNAm recém disponibilizado, e que o grupo se orientasse pelos seus arcabouços conceituais prévios, pelas ilustrações no livro didático, pela discussão em equipe, e pela ajuda do professor. Deste modo, de acordo com as quatro variantes da sequência de nucleotídeos do filamento de RNAm existentes no modelo didático, as equipes receberam as fitas conforme: Equipe 1 - Fita 1, Equipe 2 - Fita 3, Equipe 3 - Fita 4, Equipe 4 - Fita 1 e Equipe 5 - Fita 2 (Figura 15).

Figura 15 – Representação aérea da sala de aula após a distribuição das fitas de RNAm em cada equipe



Fonte: Elaborado pelo autor.

Foi também dada a orientação para que, ao final da atividade lúdica com as peças do modelo didático, na folha em branco cada equipe representaria com um desenho a proteína obtida no seu processo de simulação do evento molecular da tradução.

Durante os momentos iniciais da atividade lúdica algumas dúvidas foram surgindo nos estudantes, de modo que é possível categorizá-las em dois aspectos: sobre o funcionamento do modelo didático, e sobre dúvidas conceituais.

Relacionado à manipulação do modelo didático, alguns alunos questionaram sobre o encaixe de algumas peças nas outras para desenvolver o processo de tradução. Como exemplos, houve dúvida de como encaixar a fita de RNAm no ribossomo montado, e se haveria necessidade de colagem dos círculos dos aminoácidos nas peças de RNAt. Com ancoragem nas referências imagéticas do livro didático (Figura 14), foi orientado aos alunos, sem fornecer diretamente as repostas, que o filamento de RNA mensageiro deveria passar através das duas subunidades do ribossomo montado, deixando visíveis no espaço retangular das peças os códons que permitiriam a ligação com os respectivos RNA transportadores unidos aos seus respectivos aminoácidos. Para tanto, não haveria necessidade de colagem de peças do modelo didático, bastando encaixes e sobreposições de peças, porque o modelo didático fora confeccionado visando subsequentes utilizações durante sua vida útil. Além disso, os grupos deveriam simular o movimento do ribossomo pela fita de RNAm ao longo da leitura, conforme seguissem os ciclos de encaixe de RNAt e a adição de aminoácido à proteína em formação.

Com relação aos questionamentos conceituais, alguns estudantes perguntaram sobre elementos do modelo didático que estariam dificultando a realização da atividade devido incompreensões teóricas do processo de tradução abordados em aulas anteriores. Como exemplos, houve dúvida com relação ao posicionamento inicial do ribossomo montado

na fita de RNA mensageiro, embora o códon de iniciação estivesse com as letras destacadas em negrito; e, de modo semelhante, dúvida relacionada ao final da leitura e consequente finalização da tradução, mesmo que o códon de terminação estivesse, também, destacado no filamento (Apêndices A ao D). Foi discutido com os grupos, também sem o fornecimento direto de repostas, resgatando explicações de aulas anteriores, auxiliada com análise do livro didático, que os alunos deveriam identificar na peça de RNAm em mãos a sinalização de início e de término da leitura do ribossomo, que se tratam, portanto, dos códons de iniciação e de término.

Outra dúvida conceitual manifestada por alguns alunos, embora tenha sido abordada em aulas anteriores, foi com relação à interpretação da tabela do código genético para executar a leitura do RNAm associando ao RNAt e aminoácido correto. Assim, foi explicado que as abreviaturas de três letras nos aminoácidos das peças coloridas do modelo didático constavam na página 91 do livro didático (Figura 14) associadas aos seus respectivos códons e nomes completos, estes logo abaixo da tabela do código genético. Também foi sugerido que cada aminoácido deveria ser transferido ao ribossomo por um RNAt que o levasse corretamente de acordo com seu respectivo códon, para que, assim, os alunos avaliassem qual RNA transportador carregaria que aminoácido no decorrer do uso do modelo didático.

Quanto à finalização da leitura da fita de RNA mensageiro para encerrar a síntese proteica, ocorreram questionamentos sobre o uso da peça referente ao fator de terminação. No livro didático o termo que consta é “proteína de liberação” (OGO e GODOY, 2016, p. 92), tendo sido esclarecido aos alunos que se trata objetivamente do mesmo componente molecular da tradução, e que é sinalizado por códons de terminação que eles deveriam relacionar da tabela do código genético para qual fosse o códon existente no filamento de RNAm do grupo.

Após as orientações para a atividade lúdica e esclarecimentos iniciais sobre o modelo didático, a turma procedeu com o uso do modelo didático de modo mais interno aos seus grupos, com os membros interagindo mais entre si, tendo sido percebidas discussões nas equipes em relação à realização da síntese de proteína (Figura 16).

Figura 16 – Sala de aula com a turma desenvolvendo a atividade com o modelo didático



Fonte: Elaborado pelo autor.

Os grupos realizavam a simulação do processo de tradução utilizando as peças do modelo didático, em geral, dentro da expectativa de utilização do material lúdico. Por exemplo, percebia-se que na síntese proteica na equipe 4 (E4), à medida que os RNAt adicionavam os aminoácidos à crescente proteína, os membros organizavam a cadeia polipeptídica acima da peça do ribossomo, de modo visualmente semelhante às ilustrações contidas no livro didático e demais livros texto (Figura 17, foto à esquerda). Esses procedimentos também foram vistos no grupo E5 (Figura 17, foto à direita).

Figura 17 – Utilização do modelo didático pelas equipes



Fonte: Elaborado pelo autor.

Entretanto, foi observado em algumas equipes a utilização do modelo didático de um modo não previsto, portanto sem a execução dos ciclos de encaixe de RNA transportadores no ribossomo, e adições sucessivas de aminoácidos à proteína, ao longo da movimentação deste na leitura da fita de RNA mensageiro. Em um dos grupos (E1), a peça do ribossomo, acoplada à fita de RNAm, permaneceu com os RNAt bem próximos, sem a realização de movimento do ribossomo (Figura 18, foto à esquerda). Noutra equipe (E3), os alunos preferiram uma simplificação, envolvendo apenas a molécula de RNAm, interagindo com todos RNA transportadores, por meio dos respectivos pareamentos de códons e

anticódons, munidos de seus respectivos aminoácidos, além de deixarem a peça do fator de terminação posicionada no códon de terminação (Figura 18, foto à direita).

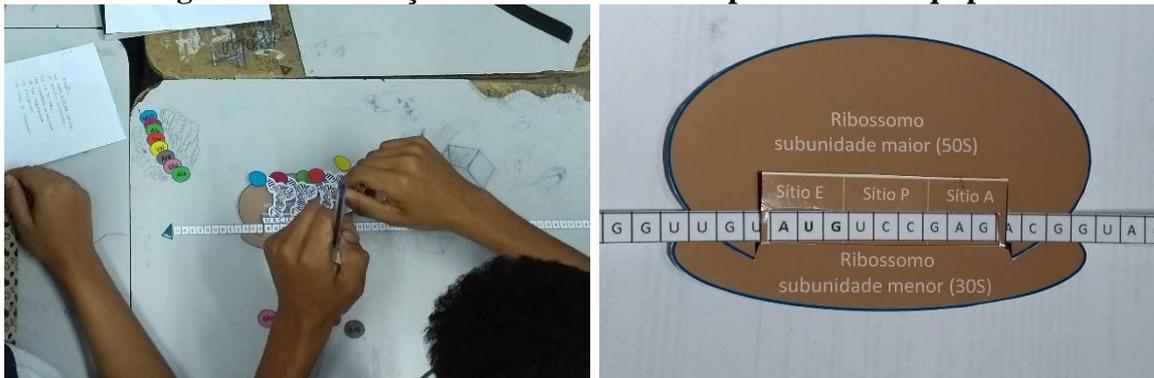
Figura 18 – Utilização do modelo didático pelas equipes



Fonte: Elaborado pelo autor.

Contudo, com relação ao uso do ribossomo, foi evidenciado que quatro grupos fizeram o correto manuseio da peça (Figura 19, foto à direita), realizando o encaixe das subunidades com o filamento de RNA mensageiro, permitindo a visualização dos códons nos três sítios da organela celular, por entre o espaço retangular recortado na subunidade menor, conforme a foto do grupo E2 abaixo (Figura 19, foto à esquerda).

Figura 19 – Utilização do modelo didático por uma das equipes



Fonte: Elaborado pelo autor.

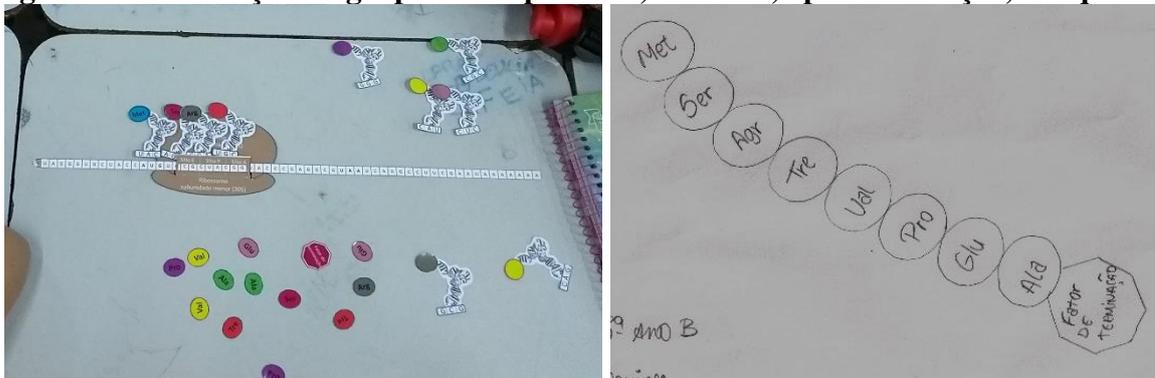
Ao entrar na meia-hora final da aula de biologia, com a finalização do processo de tradução utilizando-se as peças do modelo didático, a turma seguiu para a etapa seguinte da atividade lúdica, a realização do desenho na folha de papel ofício da proteína obtida pelo grupo. Inicialmente, alguns alunos manifestaram dúvida sobre que componentes do processo de síntese proteica a equipe deveria representar. Sem fornecer diretamente respostas, foi

reforçada com as equipes a orientação para constar nos desenhos apenas a proteína, composta pelos aminoácidos, fabricada no processo de tradução usando-se a informação contida no filamento de RNA mensageiro do grupo.

Duas equipes (E1 e E4) receberam a molécula de RNA mensageiro codificante para um polipeptídio normal (Apêndice A), cuja sequência esperada dos aminoácidos para os desenhos deveria ser: Met-Ser-Ala-Tre-Val-Pro-Glu-Ala (Quadro 1).

No grupo E1 os membros realizaram o desenho de acordo com o esperado, evidenciando a união entre os aminoácidos, sinalizando a presença do aspecto conceitual da existência das ligações peptídicas. Entretanto, houve duas falhas na representação da proteína porque a equipe decidiu incluir o fator de terminação como sendo um dos componentes estruturais da cadeia polipeptídica sintetizada com o modelo didático (Figura 20, foto à direita). A outra incoerência se deu pelo fato de o terceiro peptídeo ter sido “Arg” em lugar de “Ala”, permanecendo sem a devida correção pela equipe desde os momentos iniciais da tradução (Figura 20, foto à esquerda).

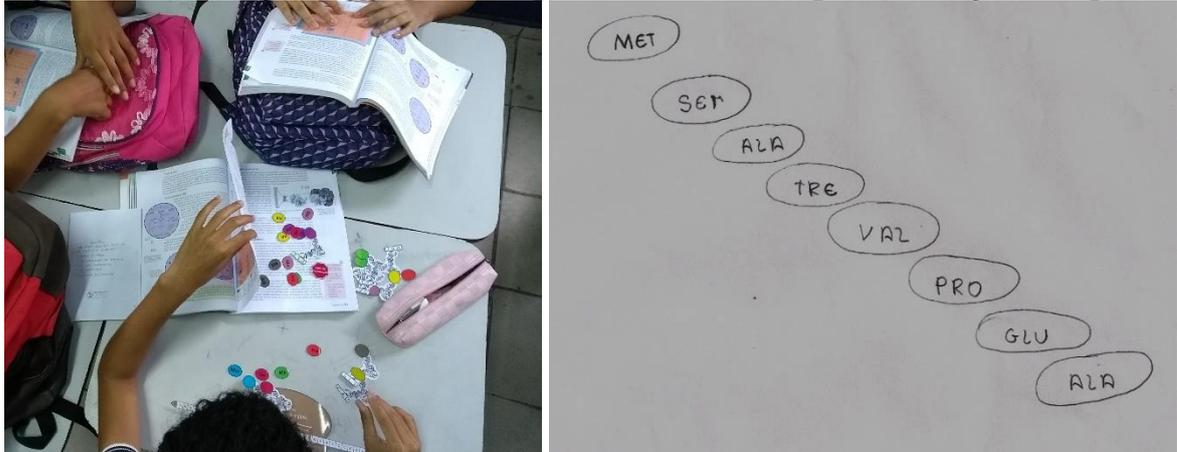
Figura 20 – Ilustração do grupo E1 da proteína, à direita, após a tradução, à esquerda



Fonte: Elaborado pelo autor.

O grupo E4 fez o desenho do polipeptídio do modo esperado, também contendo os oito aminoácidos, na ordem correta, mas sem a existência do fator de terminação ligado à proteína. Porém, não incluíram uma simbolização da existência das ligações peptídicas unindo as unidades proteicas (Figura 21).

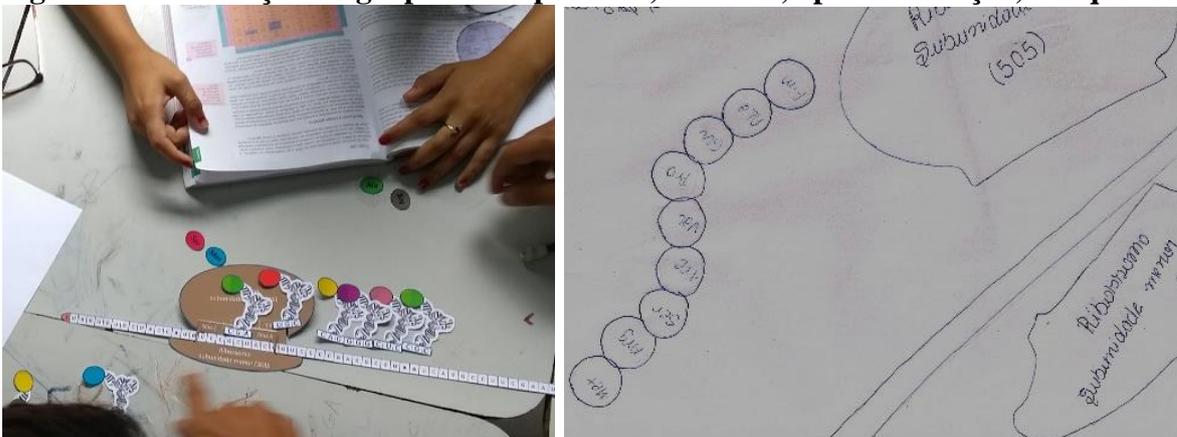
Figura 21 – Ilustração do grupo E4 da proteína, à direita, após a tradução, à esquerda



Fonte: Elaborado pelo autor.

A equipe E5 recebeu a versão do RNAm com a mutação sinônima (Apêndice B), cuja sequência prevista para o polipeptídeo produzido seria: Met-Ser-Ala-Tre-Val-Pro-Glu-Ala (Quadro 1). No desenho entregue, entretanto, a cadeia de aminoácidos não estava completamente de acordo com a informação do RNAm, pois continha trocas no segundo e terceiro aminoácidos, e o fator de terminação incluído após o aminoácido final como um círculo envolvendo a palavra “Fim”, gerando a ilustração da sequência ao finalizarem o processo com “Met-Arg-Ser-Tre-Val-Pro-Glu-Ala-Fim” (Figura 22, foto à direita). Vale salientar que nos momentos iniciais da síntese proteica, o grupo estava de posse do encadeamento correto para o polipeptídeo, como pode ser deduzido pelo enfileiramento dos RNA transportadores na foto à esquerda da Figura 22. Além da proteína, com os aminoácidos unidos, decidiram incluir representações do filamento de RNAm e das subunidades separadas do ribossomo, aspectos que vão ao encontro da referência conceitual da etapa de término da síntese proteica.

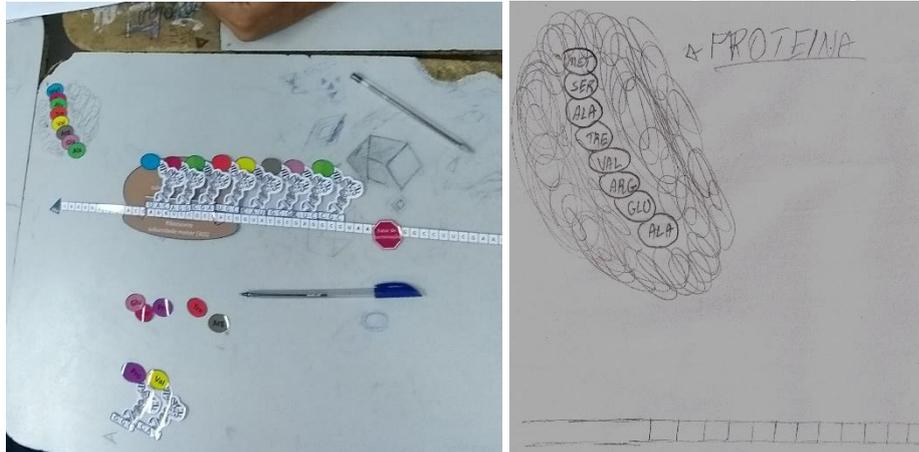
Figura 22 – Ilustração do grupo E5 da proteína, à direita, após a tradução, à esquerda



Fonte: Elaborado pelo autor.

O filamento de RNA mensageiro contendo a mutação de perda de sentido (Apêndice C) ficou com a equipe E2, em cujo desenho deveria conter a seguinte sequência esperada de aminoácidos: Met-Ser-Ala-Tre-Val-Arg-Glu-Ala, portanto com presença de Arginina em lugar de Prolina na sexta ordem (Quadro 1). Desde os momentos iniciais com o modelo didático no grupo, os membros realizaram corretamente a leitura da informação do RNAm (Figura 23, foto à esquerda), a partir da qual representaram adequadamente a sequência das unidades proteicas, com os aminoácidos unidos um ao outro, além de constar também a fita de RNA mensageiro. Ademais, foi observada a intenção de proporcionar a noção de tridimensionalidade ao polipeptídeo sintetizado com a existência dos rabiscos no entorno da proteína (Figura 23, foto à direita).

Figura 23 – Ilustração do grupo E2 da proteína, à direita, após a tradução, à esquerda

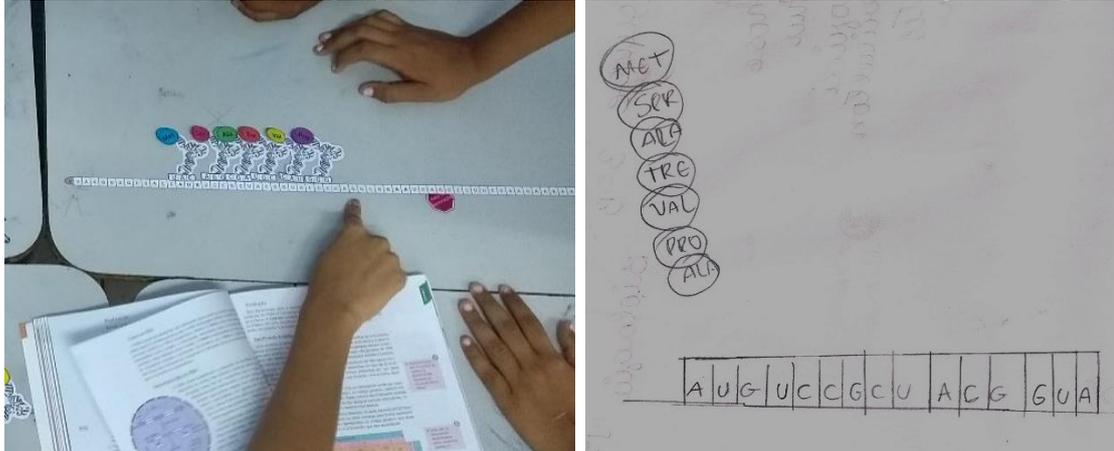


Fonte: Elaborado pelo autor.

Já o grupo E3, de posse do RNA mensageiro contendo uma mutação sem sentido (Apêndice D), deveria gerar uma ilustração da proteína contendo a seguinte sequência: Met-Ser-Ala-Tre-Val-Pro (Quadro 1). Nos momentos iniciais de tradução, foi possível observar que, apesar de não terem envolvido todas as peças do modelo didático referentes aos demais componentes da síntese proteica, a equipe dispôs corretamente os seis RNA transportadores em seus respectivos códons e com seus respectivos aminoácidos (Figura 24, foto à esquerda). Todavia, na representação da cadeia de peptídeos obtida, o grupo desenhou uma unidade proteica extra, incluindo uma Alanina após a Prolina, realizando uma proteína com sete unidades, em vez das seis esperadas (Figura 24, foto à direita). Supõe-se que os membros tenham interpretado pela continuidade da síntese proteica, ultrapassando o códon mutante (UAG) que interromperia a tradução, para acrescentar a Alanina (GCG), e só depois finalizar o processo no códon de parada (UAA) destacado com letras em negrito na fita de RNAm.

Além desses aspectos, notou-se que a cadeia polipeptídica da equipe apresentava a união entre as unidades, o que pode sugerir referência às ligações peptídicas; e que o filamento de RNAm estava parcialmente desenhado.

Figura 24 – Ilustração do grupo E3 da proteína, à direita, após a tradução, à esquerda



Fonte: Elaborado pelo autor.

Vale salientar que a existência dos erros conceituais vistos durante a execução da atividade pelos alunos não recebeu, de pronto, a influência do professor no intento da imediata correção pelos grupos, uma vez que o conjunto das ações realizadas durante a manipulação do modelo didático, foram objetos de avaliação da metodologia em caso. Já num momento posterior à realização desta pesquisa, entretanto, as incoerências conceituais cometidas pelos alunos foram discutidas com a turma nas aulas com intuito de promover uma autocrítica e prezar pela percepção das informações corretas sobre os conceitos de biologia molecular envolvidos.

Após a entrega das ilustrações por todos os grupos, ocorreu a culminância do momento da aula lúdica, a partir do qual estava previsto uma discussão coletiva com a turma sobre os conceitos de biologia molecular envolvidos na atividade, e uma breve avaliação do uso do modelo didático. Para tanto, foi escrito na lousa, pelo professor, a sequência de bases nitrogenadas do RNA mensageiro com a informação para a proteína normal, mostrando os códons envolvidos no processo da tradução, entre o inicial e o terminal, com espaçamento entre eles: AUG UCC GCU ACG GUA CCC GAG GCG UAA (Apêndice A).

Em seguida, utilizando-se da tabela do código genético constante no livro didático, e de forma dialogada com a turma, foi representada na lousa a cadeia de aminoácidos, próximos aos seus respectivos códons, presentes na proteína normal após o processo de tradução, constando as ligações peptídicas, simbolizadas com um traço entre cada

aminoácido. Por limitação de tempo e para simplificação, não foram desenhados os demais componentes do processo de síntese proteica, gerando uma ilustração semelhante à imagem abaixo (Figura 25).

Figura 25 – Cadeia polipeptídica representada na lousa a partir da tradução do RNAm normal



Fonte: Elaborado pelo autor.

No momento posterior, foi revelado à turma que, exceto pela duplicata em dois grupos, cada equipe recebeu uma versão diferente de RNA mensageiro, cuja divergência se dava por alteração em apenas uma base nitrogenada da sequência. Foi discutido com os alunos se as informações apresentadas na lousa correspondiam com a molécula de RNAm e com o polipeptídio de cada grupo. As equipes conseguiram identificar satisfatoriamente a existência da base nitrogenada diferente nos filamentos de RNAm mutantes, da mesma forma que também foi satisfatória a identificação dos aminoácidos das proteínas mutantes em cada grupo que as fabricou pela tradução.

Por fim, em virtude da aproximação do final da aula e diante do abreviado tempo disponível, foi feita uma correlação dos conceitos de biologia molecular envolvidos no modelo didático com implicações na transmissão e expressão de características nos seres vivos em geral e em humanos, que podem gerar alterações negativas, neutras ou positivas na composição genética de indivíduos e de populações. Tal demanda, como consta nos textos da BNCC (BRASIL, 2018, p. 547), se ancora na necessidade de a educação básica – em especial, a área de ciências da natureza – comprometer-se com o letramento científico da população.

Também foi pedida a opinião da turma, numa abordagem informal e rápida, sobre a aula lúdica, que recebeu comentários avaliativos de alguns alunos, como: “gostei bastante, professor!”, “foi diferente”, “foi interessante”, “foi difícil no começo, mas depois deu pra desenrolar”, “poderia fazer essas aulas mais vezes”. Essas falas realçam, portanto, o que observou Carneiro (2013, p. 28) ao argumentar que para uma boa aula os alunos destacam a relevância dos aspectos socioafetivos estabelecidos na aula.

5.3 APLICAÇÃO DOS QUESTIONÁRIOS NAS TURMAS

Os questionários para a coleta de dados (Apêndice G) foram aplicados em ambas as turmas, em suas respectivas salas de aula, durante uma parte da aula de biologia, respondidos de modo individual, voluntário e anônimo, e sem consulta a material didático de apoio:

- a) Na turma *Padrão*, turma C, o *Teste* foi realizado na data de 22 de maio de 2018, com 30 alunos matriculados presentes;
- b) Na turma *Experimental*, turma B, o *Teste* foi realizado na data de 24 de maio de 2018, com 25 alunos matriculados presentes.

Desta forma, ao total, foram obtidos cinquenta e cinco (55) questionários aplicados ao público-alvo, cujas respostas foram consolidadas em programa de computador para facilitar as interpretações.

Para as análises que se seguem, foram desconsideradas duas questões do *Teste* em que houve baixas taxas de acerto entre os 55 questionários, respectivamente, 10,9% e 12,7%, para as perguntas Q1 e Q8. A justificativa é que pode ter havido formulação inadequada na redação delas, que podem ter contribuído com baixas quantidades de acerto por parte dos respondentes. Além disso, por falta de maior disponibilidade de tempo durante a realização desta pesquisa, não houve uma aplicação pré-teste dos questionários que poderia ter contribuído para possíveis correções e ajustes a serem realizados antes da aplicação definitiva do *Teste*. Como alertam Chaer et al. (2011, p. 261), a pergunta é até mais importante que a resposta, e tendo isto em mente, deve-se voltar especial atenção à construção das perguntas que compõem o questionário, pois é delas que se conseguirá, ou não, obter os corretos dados para a confecção do trabalho de conclusão de curso.

Diante das seis perguntas, que versam sobre aspectos conceituais no questionário, sendo elas as questões Q2 à Q7, a Tabela 1 apresenta as taxas de acertos por turma pesquisada.

Tabela 1 – Taxa de acertos do público-alvo por cada pergunta (Q2 a Q7) do questionário

Pergunta	Turma <i>Experimental</i> (n=25)	Turma <i>Padrão</i> (n=30)	Média (n=55)	Desvio padrão
Q2	84,0%	86,7%	85,5%	1,3
Q3	96,0%	73,3%	83,6%	11,4
Q4	60,0%	76,7%	69,1%	8,4
Q5	100%	96,7%	98,2%	1,7
Q6	68,0%	56,7%	61,8%	5,7
Q7	60,0%	93,3%	78,2%	16,7

Fonte: Elaborado pelo autor.

Na pergunta Q2 os estudantes deveriam identificar que dentro das células o RNA transportador age levando aminoácidos ao ribossomo. Os percentuais de acerto nesta questão, em ambas as turmas, foram bem próximos. Também foram aproximadas as quantidades de acertos na pergunta Q5, em que deveria ser registrado pelos participantes que as mutações gênicas alteram a expressão de uma característica, podendo ser neutras, positivas ou negativas.

Resultados semelhantes foram das perguntas Q6 e Q4, mas com percentuais de acertos das turmas um pouco mais distantes entre si, como pode ser visto na Tabela 1. Já para as perguntas Q3 e Q7, foram registrados os maiores distanciamentos entre as taxas de acertos em cada turma.

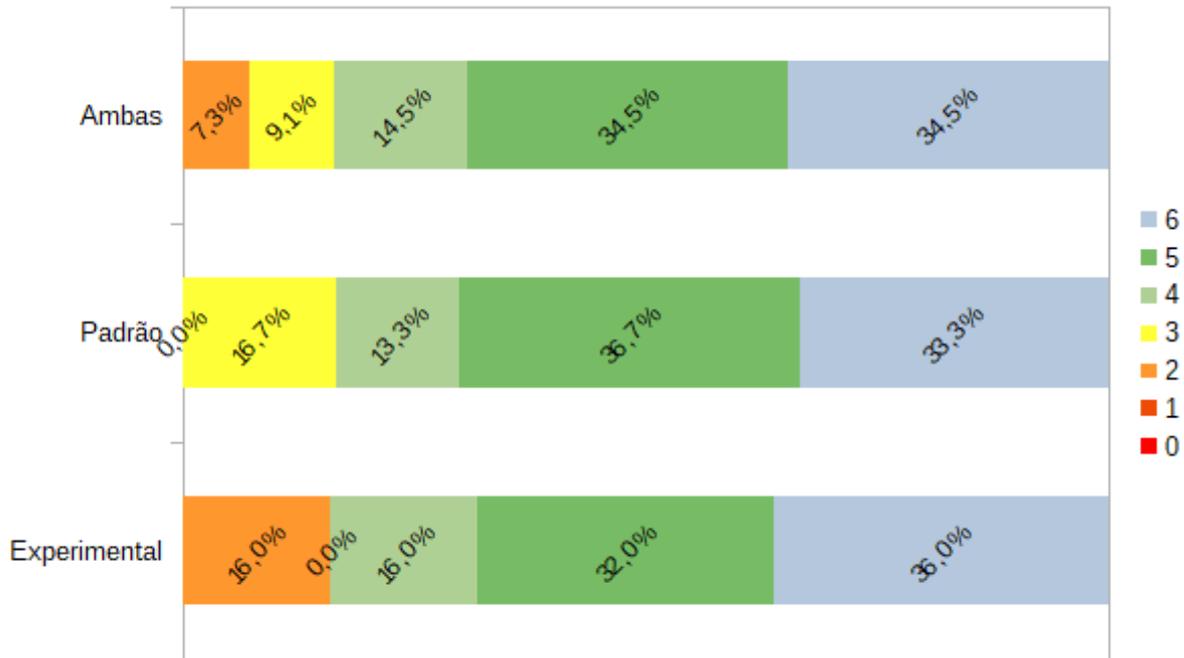
A turma *Experimental* deteve percentuais maiores de acertos para as perguntas Q3, Q5 e Q6. Na questão Q6 a maioria conseguiu atestar que um aminoácido pode ser reconhecido por um ou mais códons no RNA mensageiro durante a tradução. Na Q3, a quase totalidade dos alunos da turma que utilizou o modelo didático reconheceu que os ribossomos na célula têm função de síntese de proteínas. Já na pergunta Q5 todos os questionários da turma assinalaram a resposta correta.

A turma *Padrão* alcançou as maiores taxas de acerto para as questões Q2, Q4 e Q7. Na pergunta Q4 a maioria dos alunos registrou que a molécula de RNA mensageiro na célula age conduzindo a informação genética obtida a partir do DNA. Com relação à questão Q7, obteve-se também que a quase totalidade dos alunos assinalou corretamente identificando a proteína como sendo composta por uma sequência de aminoácidos.

Entre as duas turmas que compõem o público-alvo desta pesquisa, pode-se notar que houve maior taxa de alunos que acertaram a totalidade das perguntas conceituais do

questionário na turma *Experimental*, em que 36,0% obtiveram a nota máxima de seis (6) pontos. A quantidade de estudantes que atingiu a nota máxima na turma *Padrão* foi um pouco menor, perfazendo 33,3% da turma. Considerando todo o conjunto dos participantes entrevistados, 34,5% conquistaram nota 6 (Figura 26).

Figura 26 – Percentuais para cada nota obtida pelas turmas Experimental e Padrão, e notas gerais do público-alvo. Notas variam de zero (0) a seis (6) acertos

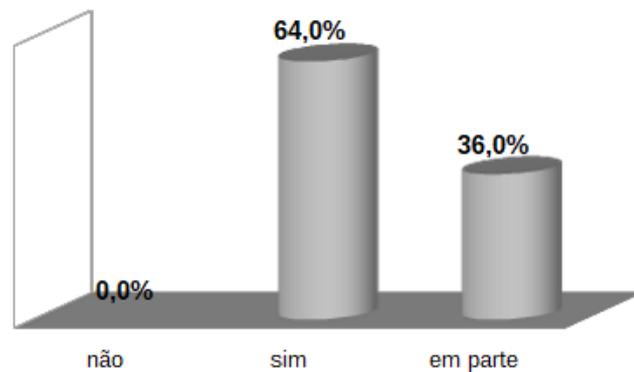


Fonte: Elaborado pelo autor.

Com relação às duas últimas perguntas no questionário, após as perguntas conceituais do *Teste*, respondidas apenas pelos alunos da turma *Experimental*, a intenção versava sobre captar o julgamento dos estudantes referente ao uso do modelo didático na aula.

Na questão Q9 os alunos opinaram sobre se a utilização do modelo didático ajudou no entendimento do conteúdo de biologia molecular relacionado. A maior parcela (64,0%) dos sujeitos assinalou “sim”, e a outra porção (36,0%) marcou “em parte”, não havendo marcação para a resposta negativa dessa pergunta. Portanto, a maioria dos estudantes na turma considerou que o uso do modelo didático teve contribuição positiva, que auxiliou as demais formas de aprendizagem envolvidas no processo de compreensão do assunto da aula (Figura 27).

Figura 27 – Percentuais de respostas para pergunta Q9 do questionário, sobre o modelo didático ter ajudado na compreensão do conteúdo



Fonte: Elaborado pelo autor.

Quanto à questão Q10 do questionário, os estudantes realizaram uma avaliação sobre três quesitos diferentes assinalando, para cada um, respostas escalares variando de um (1) a cinco (5), em que o menor valor da escala equivale a “baixa/pouco”, passando por gradações intermediárias, e o maior valor equivale a “alta/bastante”. Entretanto, salienta-se que entre os 25 questionários recebidos, três estudantes não assinalaram nenhuma das três respostas desta pergunta avaliativa, deixando as análises a seguir entre 22 alunos que manifestaram suas impressões acerca da aula.

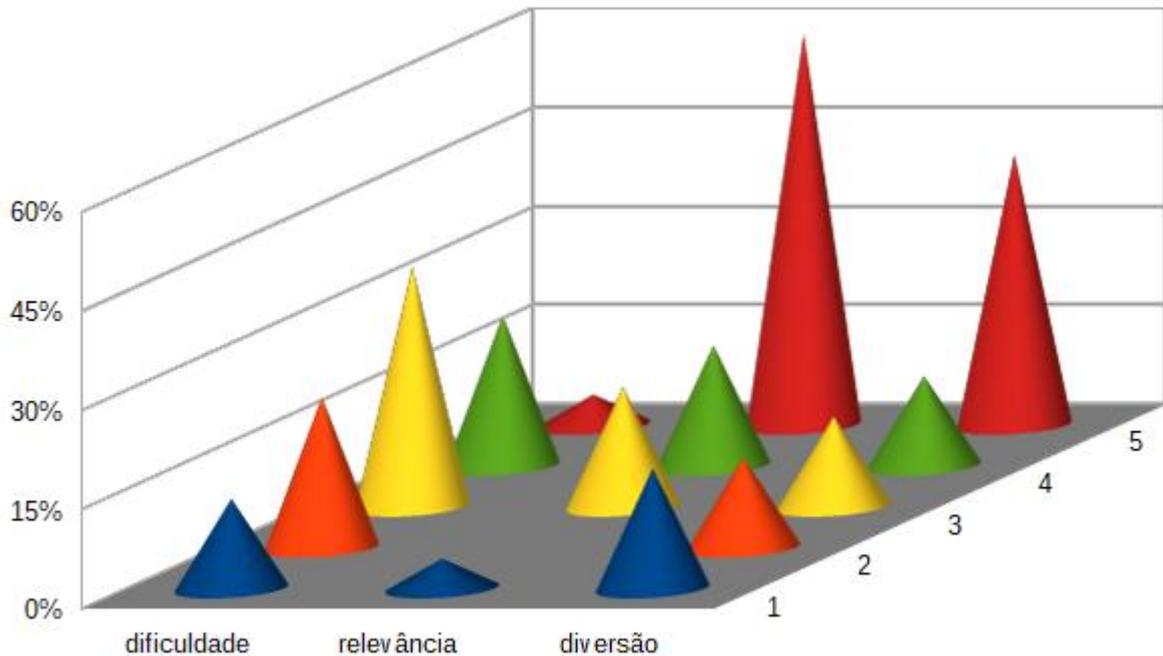
O primeiro quesito analisado, no item a da pergunta Q10, sobre o uso do modelo didático durante a aula, foi com relação ao grau de dificuldade no manuseio das peças que simbolizam o processo de síntese proteica. A maioria (36,4%) dos estudantes assinalou “3” avaliando como intermediária a dificuldade de utilização do modelo sobre tradução. Ficaram empatados em segunda posição os valores “2” e “4”, ambos individualmente como opinião de 22,7% de questionários.

Para a percepção dos alunos com relação ao grau de importância ou relevância que eles poderiam atribuir ao uso do modelo didático na aula, foi solicitada essa avaliação no item b da questão Q10. Mais da metade da turma (59,1%) assinalou “5”, avaliando como “alta” a relevância da atividade lúdica. Ficaram empatadas as marcações em “3” e “4”, cada valor com uma fatia de 18,2% das avaliações dos alunos.

Já o aspecto de os estudantes terem considerado a aula lúdica como divertida, a maior parcela (40,9%) avaliou como “alta” marcando “5” no item c da pergunta Q10. Uma fatia de 18,2% assinalou o valor mais baixo, e os demais valores da escala atingiram 13,6% cada um.

Nesse contexto, em termos gerais, a turma *Experimental* avaliou o uso do modelo didático na aula como tendo uma dificuldade moderada de manuseio, uma alta importância para auxiliar o aprendizado, e uma atividade lúdica bastante divertida (Figura 28).

Figura 28 – Percentuais de respostas para cada um dos três quesitos avaliativos do modelo didático na pergunta Q10 do questionário. Nota 1 = “baixa/pouco” e nota 5 = “alta/bastante”



Fonte: Elaborado pelo autor.

Desse modo, esses resultados convergem com Barbosa et al. (2016, p. 460-461), ao terem observado que, numa aplicação de metodologia de ensino semelhante a proposta desta pesquisa, os alunos puderam compreender melhor essa dinâmica biomolecular complexa com maior prazer e motivação, tendo sido possível notar que embora os conceitos sejam complexos e abstratos, estes podem se tornar interessantes e significativos para os alunos se ministrados de forma lúdica e diferenciada.

6 CONSIDERAÇÕES FINAIS

A aplicação dessa metodologia em sala de aula se demonstrou bastante positiva no contexto de prática pedagógica que contribui o processo de ensino, complementando a práxis do professor, para além das possibilidades do livro didático e da aula expositiva, que são recursos metodológicos, em geral, bastante utilizados por professores, incluindo o autor deste trabalho. Desta forma, o desenvolvimento e o uso deste modelo didático convidam para ampliar o repertório de métodos, superando o tradicionalismo, o que estimula o necessário repensar sobre a adoção e valorização de diferentes metodologias que auxiliem os processos de aprendizagens, tanto dos alunos, como do professor no seu fazer pedagógico.

Embora o uso do modelo didático tenha sido satisfatório, alguns fatores influenciaram negativamente o planejamento, o desenvolvimento ou aplicação da atividade lúdica e merecem ser levados em consideração numa posterior utilização em sala de aula com outras turmas. Assim, nesse retrospecto, houve uma insuficiência de tempo disponível para uma aplicação piloto do modelo didático que permitisse a visualização da dinâmica de envolvimento dos alunos com as peças em papel dos componentes moleculares da tradução, e uma possível adequação subsequente. Nesse mesmo contexto, não houve aplicação dos questionários numa fase de pré-teste, com objetivo de diagnosticar possíveis falhas ou problemas no texto das perguntas ou na obtenção das repostas. Além disso, outro fator que impactou negativamente foram casos de interrupções por agentes externos à sala de aula no momento de uso do modelo didático na turma *Experimental*, como uma pessoa da gestão escolar que necessitou dar um aviso verbal à turma, e um fotógrafo que usou um tempo da aula para questões de prestação de serviço de formatura da turma.

Apesar dessas variáveis não previsíveis, diante da realização da atividade lúdica em sala com os estudantes, foi percebida, por parte do público-alvo, uma boa receptividade do modelo didático na aula, porquanto se verificou que os alunos se sentiram estimulados e engajados com a compreensão e manipulação do processo de tradução, uma vez que se estimulou o protagonismo e a cooperação em seus processos autônomos de aprendizagem dos conceitos. O contexto da aula transcorreu, assim, de modo produtivo e enriquecedor, pois se percebia que os estudantes apresentavam motivação interna para seu próprio envolvimento com o conteúdo, transformando-o em menos complexo e abstrato, para mais palpável e interessante.

De modo semelhante, a metodologia de ensino aqui proposta tem grande potencial de contribuição para auxiliar na abordagem de assuntos ligados a biologia molecular, como o

fluxo da informação, mutação gênica, além de temas conexos em biologia celular e em biologia evolutiva, se planejada para complementar o rol de estratégias de ensino do professor no seu cotidiano de aulas, uma vez que é necessário, numa prática docente reflexiva, o repensar constante e diário sobre formas que garantam a efetiva aprendizagem dos estudantes, principalmente de conceitos mais complexos e abstratos.

Dentro da perspectiva da reflexão sobre a prática docente, o desenvolvimento desta pesquisa foi uma excelente oportunidade para o engrandecimento pedagógico do autor desta investigação, cumprindo uma premissa profissional fundamental, pois permitiu uma autoavaliação sobre a necessária adoção de um conjunto maior de estratégias de ensino que alcancem mais efetivamente a aprendizagem, não apenas na utilização de modelos didáticos em aulas, mas sim, dando a chance de experimentar outras metodologias de ensino daqui em diante numa contribuição de própria formação continuada.

A proposta aplicada e discutida, de uso do modelo didático sobre tradução neste trabalho, não esgota as possibilidades de formas de exploração conceitual do modelo, pois propositadamente deixa margem para personalizações em seu uso conforme a conjuntura pedagógica, tanto dos alunos, quanto do docente que estiver interessado nessa experiência, e cuja implementação possa complementar satisfatoriamente sua práxis de abordagem em aulas de biologia molecular.

Nesse cenário, é possível realizar adaptações na forma de utilização do modelo didático propondo variações de metodologia para adequá-lo às exigências conceituais do ritmo de aprendizagem próprio que o docente deseje empregar em sala de aula. Portanto, as variações de uso podem incluir, por exemplo: todas as equipes inicialmente sintetizarem o mesmo polipeptídeo, para, num segundo momento, realizarem a produção de outra proteína diferente após ocorrer uma mutação gênica no RNAm; ou comparar a síntese proteica realizada em algumas equipes, com a tradução bloqueada por ação de antibiótico realizada por outros grupos. É possível ainda aplicar a resolução de situações-problemas envolvendo os conceitos de tradução ou mutação gênica, como o efeito de algumas classes de antibióticos no bloqueio da síntese proteica bacteriana, e os benefícios para a saúde humana, entre outras possibilidades.

Ainda assim, as orientações gerais, desde a confecção, o planejamento, e aplicação deste modelo didático, conforme a proposta concebida nesta investigação, são apresentadas no Apêndice F, caso o professor deseje replicar esta metodologia em sua sala de aula complementando o processo de exploração dos conteúdos com suas turmas.

REFERÊNCIAS

- ALBERTS, B. et al. **Biologia molecular da célula**. Tradução de Ardala Elisa Breda Andrade. et al. 6.ed. Porto Alegre: Artmed, 2017.
- BARBOSA, M. A. F.; NASCIMENTO, J. R.; NASCIMENTO, C. R.; ARAÚJO, R. R. R. C.; LAGE, D. A. Educação em genética: uma proposta para o ensino da expressão gênica a partir de diferentes estratégias didáticas. **Revista de Ensino de Biologia da Associação de Ensino de Biologia, SBEnBio**, [S.l.], v.9, 2016. Disponível em: <https://sbenbio.org.br/wp-content/uploads/edicoes/revista_sbenbio_n9.pdf>. Acesso em: 18 abr. 2019.
- BRASIL. Lei 9.394, de 20 de dezembro 1996. Estabelece as diretrizes e bases da educação nacional. **Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil**, Brasília, DF, 23 dez 1996. Disponível em: <http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/leis/L9394.htm>. Acesso em: 08 fev. 2018.
- BRASIL. Ministério da Educação. Secretaria da Educação Básica. **Base Nacional Comum Curricular**. Brasília, DF, 2018. Disponível em: <http://basenacionalcomum.mec.gov.br/images/BNCC_EI_EF_110518_-versaofinal_site.pdf>. Acesso em: 24 jun. 2019.
- CAMPOS, L. M. L.; BORTOLOTO, T. M.; FELICIO, A. K. C. A produção de jogos didáticos para o Ensino de Ciências e Biologia: uma proposta para favorecer a aprendizagem. **Cadernos dos Núcleos de Ensino**, São Paulo, p.35-48, 2003.
- CARNEIRO, M. H. S. Significados atribuídos a uma boa aula de biologia: estudo das representações de alunos e professores. In: CARNEIRO, C. C. B. S.; LEITE, R. C. M. (Orgs.). **Ensino de Ciências: abordagens múltiplas**. Curitiba: CRV, 2013. Cap. 1. p. 15-30.
- CEARÁ. Secretaria da Educação do Estado do Ceará. **Sistema integrado de gestão escolar , Sige escola**. Fortaleza: SEDUC, 2018. Disponível em: <<http://professor.seduc.ce.gov.br/>>. Acesso em: 25 maio 2018.
- CHAER, G.; DINIZ, R. R. P.; RIBEIRO, E. A. A técnica do questionário na pesquisa educacional. **Evidência**, Araxá, v.7, n.7, p. 251-266, 2011. Disponível em <http://www.educadores.diaadia.pr.gov.br/arquivos/File/maio2013/sociologia_artigos/pesquisa_social.pdf>. Acesso em: 10 maio 2019.
- GERHARDT, T. E.; RAMOS, I. C. A.; RIQUINHO, D. L.; SANTOS, D. L. Estrutura do projeto de pesquisa. In: GERHARDT, T. G.; SILVEIRA, D. T. (Orgs.). **Métodos de pesquisa**. Porto Alegre: UFRGS, 2009. p.65-88.
- GOLDBACH, T.; PEREIRA, W. A.; SILVA, B. A. F. S.; OKUDA, L. V. O.; SOUZA, N. R. Diversificando estratégias pedagógicas com jogos didáticos voltados para o ensino de biologia: ênfase em genética e temas correlatos. **Enseñanza de las ciencias: revista de investigación y experiencias didácticas**, n. extra, p. 1566-1572, 2013. Disponível em: <<http://www.raco.cat/index.php/Ensenanza/article/download/307312/397286>>. Acesso em: 09 fev. 2018.

GONZAGA, P. C.; SANTOS, C. M. R.; SOUSA, F. M. C.; COSTA, L. M. A prática de ensino de Biologia em escola pública: perspectivas na visão de alunos e professores. In: TOMMASIELLO, M. G. C. et al. (Orgs.). **Didática e práticas de ensino na realidade escolar contemporânea: constatações, análises e proposições**. Araraquara: Junqueira&Marin Editores, 2012. v. 3, p. 3580-3589. Disponível em: <<http://endipe.pro.br/ebooks-2012/2600p.pdf>>. Acesso em: 04 ago. 2019.

GUIMARÃES, G.M.A.; ECHEVERRÍA, A.R.; MORAES, I.J. Modelos didáticos no discurso de professores de ciências. **Investigações em Ensino de Ciências**, Porto Alegre, v.11, n.3, p.303-322, 2006.

HERMANN, F. B.; ARAÚJO, M. C. P. Os jogos didáticos no ensino de genética como estratégias partilhadas nos artigos da revista genética na escola. In: ENCONTRO REGIONAL SUL DE ENSINO DE BIOLOGIA, 6., 2013. Santo Ângelo. **Anais...** Santo Ângelo: EREBIO SUL, Universidade Regional Integrada do Alto Uruguai e das Missões, 2013. Disponível em: <http://santoangelo.uri.br/erebiosul2013/anais/wp-content/uploads/2013/07/poster/13461_290_Fabiana_Barrichello_Hermann.pdf>. Acesso em: 09 fev. 2018.

JUSTINA, L. A. D. **Ensino de genética e história de conceitos relativos à hereditariedade**. 2001. 145 f. Dissertação (Mestrado em Educação) – Centro de Ciências da Educação, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, 2001.

JUSTINA, L. A. D.; FERLA, M. R. A utilização de modelos didáticos no ensino de genética exemplo de representação de compactação do DNA eucarioto. **Arquivos do Museu Dinâmico Interdisciplinar**, Maringá, v. 10, n. 2, p. 35-40, 2006.

KRASILCHIK, M. **Práticas de ensino de Biologia**. 4 ed. São Paulo: Edusp, 2016.

MARQUES, D. N. V.; FERRAZ, D. F. O uso de modelos didáticos no ensino de genética em uma perspectiva metodológica problematizadora. In: PARANÁ. Secretaria de Estado da Educação. Superintendência de Educação. **O professor PDE e os desafios da escola pública paranaense, 2007**. Curitiba: SEED/PR., 2011. v.1. (Cadernos PDE). Disponível em: <<http://www.gestaoescolar.diaadia.pr.gov.br/modules/conteudo/conteudo.php?conteudo=20>>. Acesso em: 03 mar. 2018.

MARTINS, M. M. M. C.; SOUZA, F. U. F.; LEITE, R. C. M. A pesquisa como fundamentação teórica na prática docente e suas contribuições para a proposição de metodologias de ensino de ciências/biologia. In: CARDOSO, N. S.; FRANÇA-CARVALHO, A. D. (Org.). **Ensino e Pesquisa em Ciências e Biologia na Educação básica**. Teresina: EDUFPI, 2014. Cap. 2. p. 18-33.

OGO, M. Y.; GODOY, L. P. **#Contato biologia**. Vol 3 – 1 ed. São Paulo: Quinteto, 2016. Disponível em: <https://issuu.com/editoraftd/docs/contato_biologia_3>. Acesso em: 10 ago. 2018.

PIERCE, B. A. **Genética: um enfoque conceitual**. Tradução de Beatriz Araujo do Rosário. 5 ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2016.

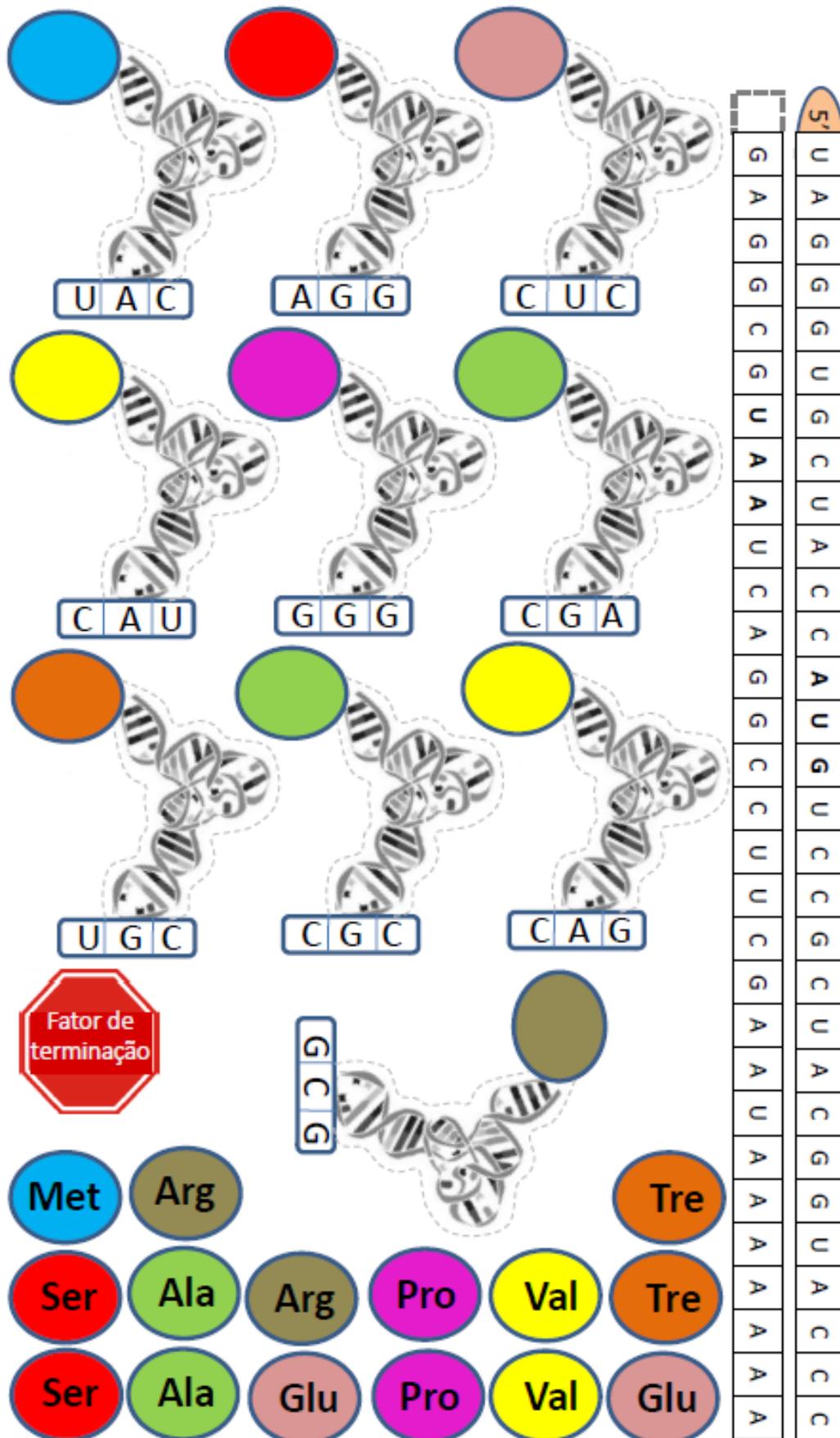
PURVES, W. K.; SADAVA, D.; ORIAN, G. H.; HELLER, H. C. **Vida**: a ciência da biologia, Célula e Hereditariedade. 6. ed. São Paulo: Artmed, 2005. v. 1.

RODRIGUES, M. M. A. **O lúdico como ferramenta no processo da aprendizagem do mecanismo de tradução do DNA**. 2015. 49 f. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Ciências Biológicas) – Centro de Ciências da Saúde, Universidade Estadual do Ceará, Fortaleza, 2015.

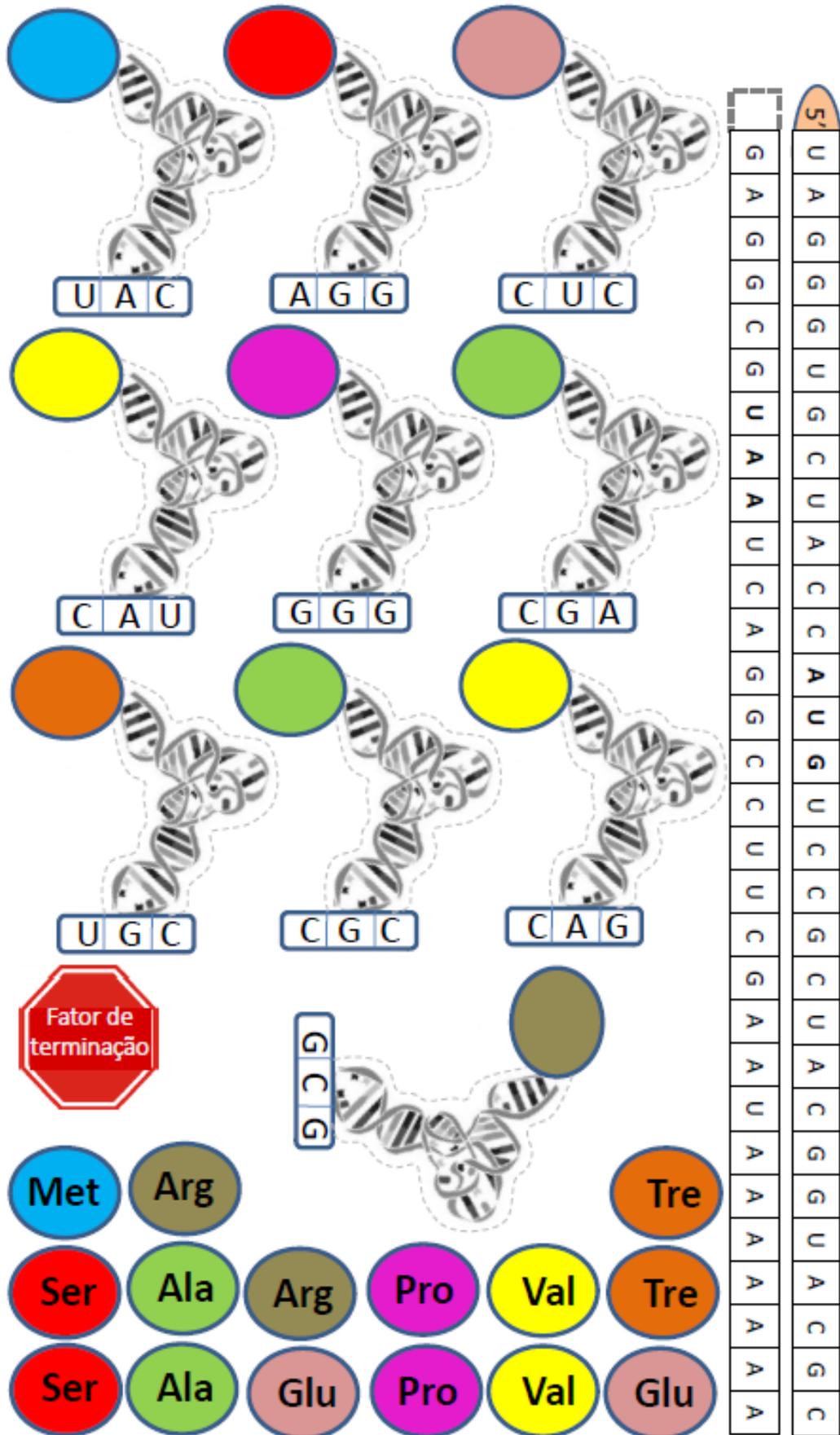
SILVEIRA, D. T.; CORDOVA, F. P. A pesquisa científica. In: GERHARDT, T. G.; SILVEIRA, D. T. (Orgs.). **Métodos de pesquisa**. Porto Alegre: UFRGS, 2009. p.31-42.

APÊNDICES

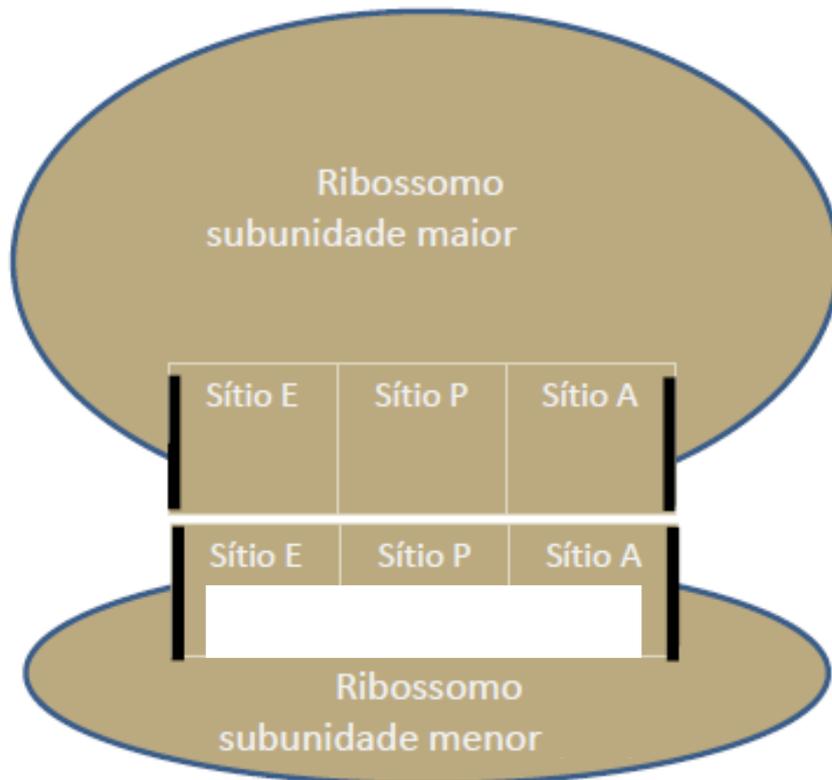
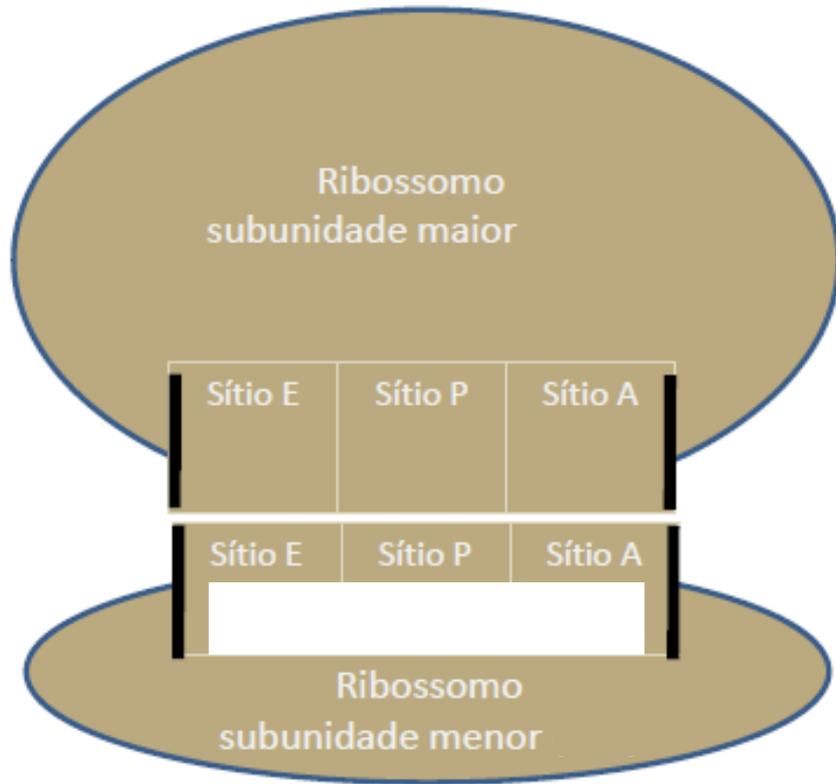
APÊNDICE A – Modelo didático com RNAm normal.



APÊNDICE C – Modelo didático com mutação Perda de sentido.



APÊNDICE E – Modelo didático de ribossomo.



APÊNDICE F – Instruções de utilização do modelo didático.

SUGESTÃO DE USO DO MODELO DIDÁTICO DE SÍNTESE PROTEICA

Autoria: Wadson Alan de Melo e Frota

- 1) Sugestão conforme realizada nesta pesquisa:
 - a) Organizar a turma em cinco equipes;
 - b) Duas equipes recebem igualmente as peças do Anexo A;
 - c) Uma equipe recebe as peças do Anexo B;
 - d) Outra equipe recebe as peças do Anexo C;
 - e) A última equipe recebe as peças do Anexo D.

- 2) Preparação prévia dos cinco conjuntos de peças do modelo didático:
 - a) Realizar três impressões do Anexo E, e recortar contornando cada uma das subunidades grandes e pequenas dos ribossomos dos moldes;
 - b) Usando preferencialmente um estilete comum, recortar o retângulo branco de cada subunidade menor do ribossomo, descartando-os em seguida;
 - c) Em cada subunidade dos ribossomos fazer um recorte na linha preta, que será necessário para efetuar o encaixe da subunidade maior com a menor, acomodando a menor a frente, de modo a permitir sua visualização em primeiro plano. Deverá ser observado que fica um espaço entre as duas subunidades encaixadas por onde será passado a fita de RNAm (Figura 19);
 - d) Recortar dos moldes todas as peças de aminoácidos, RNA transportadores, fatores de terminação e as duplas de filamentos de RNA mensageiro;
 - e) Para cada par de peças do RNAm fazer a colagem dos segmentos, usando o quadrado de contorno tracejado para ser colado no verso da porção final do outro segmento;
 - f) Com efeitos de organização, acomodar individualmente cada conjunto de peças num recipiente a preferência do docente, para posterior uso em sala de aula.

- 3) Cada um dos cinco conjuntos de peças deve conter:
 - a) Duas subunidades de um ribossomo;
 - b) Dez moléculas de RNAt;
 - c) Quinze aminoácidos;
 - d) Um fator de terminação;
 - e) Uma fita de RNAm.

- 4) Usar o modelo didático em sala de aula com a turma organizada em cinco equipes, que deverão dispor de uma superfície plana para preparar o livro didático e as peças de papel, para executar os movimentos necessários de encaixe dos componentes moleculares. Os alunos não necessitam realizar recortes ou colagens durante a atividade lúdica.

- 5) Distribuir aleatoriamente as cinco fitas de RNA mensageiro entre os grupos e pedir que cada um execute o processo de síntese de proteína com as peças do modelo didático, auxiliando-os na compreensão e concretização da atividade. Em seguida, os grupos podem ser instruídos a representar com um desenho, numa folha em branco previamente fornecida, a proteína produzida na tradução.

- 6) Na culminância da atividade, cada grupo mostra à turma o desenho de sua respectiva proteína obtida para que seja discutido no coletivo de alunos o tema de biologia molecular, genética, ou evolução, por exemplo, que o docente deseje direcionar na aula.

APÊNDICE G – Questionário para a coleta de dados.
BIOLOGIA – Prof. WADSON

3ª série Turma _____ Data: ____ / ____ / _____

Q1 – O processo em que ocorre a manifestação da informação contida no DNA é:

- a) transcrição
- b) tradução
- c) replicação

Q2 – A função do RNA transportador na célula é:

- a) faz parte do ribossomo
- b) carrega aminoácidos ao ribossomo
- c) faz parte da proteína

Q3 – Os ribossomos na célula têm função de:

- a) realiza a fabricação de proteínas
- b) é a molécula responsável pela hereditariedade
- c) realiza a duplicação do DNA

Q4 – O RNA mensageiro na célula tem a função de:

- a) comandar todas as funções da célula
- b) fazer a síntese proteica
- c) carregar a informação genética obtida a partir do DNA

Q5 – Uma mutação gênica:

- a) pode provocar alteração na manifestação de uma característica
- b) sempre beneficia a célula
- c) é sempre negativa

Q6 – Um aminoácido pode ser reconhecido:

- a) por apenas um códon
- b) por um ou mais códons
- c) por um ou mais genes

Q7 – Uma proteína é composta por:

- a) uma sequência de genes
- b) uma sequência de aminoácidos
- c) um trecho da molécula de DNA

Q8 – A proteína fabricada é proveniente:

- a) da informação hereditária contida no DNA
- b) da interação entre RNA transportador e RNA mensageiro
- c) de mutações encontradas nos aminoácidos

Q9 – Na sua opinião, o uso do modelo didático ajudou você a compreender melhor o conteúdo?

- a) não
- b) sim
- c) em parte

Q10 – Em relação ao uso do modelo didático na aula, dê uma nota entre 1 e 5, sendo 1 equivalente a “baixa/pouco”, e 5 equivalente a “alta/bastante”, para cada quesito abaixo:

- a) 1() / 2() / 3() / 4() / 5() = grau de dificuldade
- b) 1() / 2() / 3() / 4() / 5() = relevância/importância
- c) 1() / 2() / 3() / 4() / 5() = diversão

APÊNDICE H – Termo de Consentimento Livre e Esclarecido.

Universidade Estadual do Ceará
Mestrado Profissional em Ensino de Biologia
TERMO DE CONSENTIMENTO LIVRE E ESCLARECIDO

O (a) menor _____ está sendo convidado(a) para participar, como voluntário, em uma pesquisa que visa avaliar a eficácia de uma atividade didática. Como responsável pelo menor, após ser esclarecido(a) sobre as informações a seguir, no caso de consentir que ele(a) faça parte do estudo, assine ao final deste documento, que está em duas vias. Uma delas é sua e a outra, que deve ser devolvida, é do pesquisador responsável. Em caso de recusa não haverá penalidade de nenhuma forma. Em caso de dúvidas você pode procurar o Comitê de Ética em Pesquisa da Universidade Estadual do Ceará no telefone (85) 3101 9890 ou pelo e-mail cep@uece.br. Telefone para contato (85) 988839358 – Vânia Marilande Ceccatto.

Prezado participante:

Esta pesquisa intitula-se: **“Tradução proteica: contribuições de um modelo didático para fixação de conteúdos em biologia molecular”**.

Pesquisador responsável: **Vânia Marilande Ceccatto**.

Instituição executora responsável: **Universidade Estadual do Ceará**.

Este Projeto de pesquisa foi elaborado por um aluno do curso de Mestrado Profissional em Ensino de Biologia da Universidade Estadual do Ceará. Solicitamos sua colaboração voluntária. O objetivo deste trabalho é avaliar a eficácia da utilização de um modelo didático no ensino e aprendizagem sobre conteúdo de Biologia molecular e Genética, pertencente ao componente curricular de Biologia do Ensino Médio. Durante a realização das aulas com o modelo didático os alunos receberão pequenos objetos recortados em papel para manuseio, devendo fazer movimentos de encaixe e de colagem com fita adesiva, simulando os processos biológicos. Em seguida, responderão a um questionário sobre a atividade. O presente estudo ocorrerá na própria sala de aula da escola onde o participante cursa seu Ensino Médio, e NÃO apresenta possibilidade de danos físicos ou psicológicos. Nas dimensões psíquica, moral e social, no que diz respeito a possibilidade de constrangimento do aluno participante com a exposição dos níveis de conhecimento individuais, os possíveis riscos serão minimizados com a manutenção do anonimato dos participantes nas publicações decorrentes da pesquisa. Formulários de avaliação da atividade serão entregues aos participantes para o seu preenchimento com a GARANTIA DE ANONIMATO. As informações serão SIGILOSAS, e não haverá divulgação personalizada delas. Posteriormente, os relatórios e trabalhos publicados estarão disponíveis com os pesquisadores.

Tenha a segurança de receber esclarecimentos sobre qualquer dúvida acerca sobre esta pesquisa, bem como a liberdade de retirar o consentimento a qualquer momento.

Entendi e dou meu consentimento de forma livre e esclarecida: () SIM () NÃO

Eu, _____, abaixo assinado(a), responsável pelo menor

_____ concordo com a participação dele(a) no estudo: “Tradução proteica: contribuições de um modelo didático para fixação de conteúdos em biologia molecular”. Fui devidamente informado(a) e esclarecido(a) pelos pesquisadores sobre a pesquisa, bem como os procedimentos nela envolvidos. Foi-me garantido que posso retirar meu consentimento a qualquer momento, sem que isto leve a qualquer penalidade.

Local e data: _____, ___ / ___ / _____

Nome do(a) menor participante: _____

Nome do responsável: _____ Assinatura:

Nome e assinatura do pesquisador: Vânia Marilande Ceccatto _____

APÊNDICE I – Termo de Assentimento.

Universidade Estadual do Ceará
Mestrado Profissional em Ensino de Biologia
TERMO DE ASSENTIMENTO

Pesquisa: Tradução proteica: contribuições de um modelo didático para fixação de conteúdos em biologia molecular

Você está sendo convidado(a) para participar, como voluntário(a), na pesquisa “Tradução proteica: contribuições de um modelo didático para fixação de conteúdos em biologia molecular”. Seus pais/responsáveis permitiram que você participe. Queremos saber se a utilização de um modelo didático sobre tradução proteica contribuirá para o ensino e aprendizagem de um conteúdo de Biologia. Caso você autorize, você irá participar de uma atividade em sala de aula contendo a utilização do modelo didático junto aos seus colegas participantes. A sua participação não é obrigatória e, a qualquer momento, poderá desistir de participar da pesquisa. Tal recusa a participar desta pesquisa não trará prejuízos em sua relação com o pesquisador ou com a sua escola. O estudo não envolve possibilidades de danos físicos, pois ocorrerá na sala de aula e serão manuseados objetos em papel recortado e fita adesiva para colagem. Tudo foi planejado para minimizar os riscos de sua participação. No que diz respeito ao possível constrangimento dos alunos com a exposição dos resultados, os possíveis riscos serão minimizados com a manutenção do ANONIMATO dos participantes. Em estudos parecidos com esse, os participantes gostaram de participar e acharam a atividade interessante. As suas respostas não serão divulgadas de forma a possibilitar a sua identificação. Além disso, você está recebendo uma cópia deste termo onde consta o telefone do pesquisador principal, podendo tirar dúvidas agora ou a qualquer momento.

Em caso de dúvidas você pode perguntar aos pesquisadores, procurar o Comitê de Ética em Pesquisa da Universidade Estadual do Ceará no telefone (85) 3101 9890 ou pelo email cep@uece.br. Telefone para contato (85) 98883 9358 – Vânia Marilande Ceccatto.

Prezado participante:

Esta pesquisa intitula-se: “**Tradução proteica: contribuições de um modelo didático para fixação de conteúdos em biologia molecular**”.

Pesquisador responsável: **Vânia Marilande Ceccatto**

Instituição executora responsável: **Universidade Estadual do Ceará**

Eu, _____ declaro que entendi os objetivos, riscos e benefícios da minha participação, sendo que: () aceito participar () não aceito participar

Assinatura: _____

Nome e assinatura do pesquisador: Vânia Marilande Ceccatto _____

TERMO DE ASSENTIMENTO

Eu, _____, concordo em participar do estudo: “Tradução proteica: contribuições de um modelo didático para fixação de conteúdos em biologia molecular”, como sujeito. Fui devidamente informado(a) e esclarecido(a) sobre a pesquisa, bem como o que esperam que eu faça. Os pesquisadores tiraram minhas dúvidas e pediram a permissão dos meus responsáveis. Entendi que posso dizer “sim” e participar, mas que, a qualquer momento, posso dizer “não” e desistir de participar da pesquisa.

Local e data: : _____, ____/____/____

Assinatura: _____

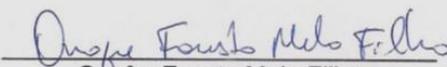
APÊNDICE J – Termo de Anuência.

TERMO DE ANUÊNCIA

Eu, Onofre Fausto Melo Filho, Diretor da Escola de Ensino Fundamental e Médio Anastácio Alves Braga, autorizo a realização da pesquisa "TRADUÇÃO PROTEICA: CONTRIBUIÇÕES DE UM MODELO DIDÁTICO PARA FIXAÇÃO DE CONTEÚDOS EM BIOLOGIA MOLECULAR" a ser realizada por Wadson Alan de Melo e Frota, a ser iniciada após aprovação do Comitê de Ética em Pesquisa com Seres Humanos da UECE.

Autorizo a equipe de pesquisadores a utilizarem o espaço da escola EEFM Anastácio Alves Braga para a utilização do modelo didático sobre tradução proteica em sala de aula, e para a aplicação de questionários aos estudantes participantes. Afirmando que não haverá qualquer implicação negativa aos alunos que não queiram ou desistam de participar do estudo.

Itapipoca, 16 de abril de 2018.


Onofre Fausto Melo Filho
Diretor da escola EEFM Anastácio Aves Braga

Onofre Fausto Melo Filho
Diretor Geral
B. O. 11/10/18
EEFM Anastácio A. Braga